

Inaugural-Dissertation zur Erlangung der Doktorwürde  
der Tierärztlichen Fakultät der Ludwig-Maximilians-  
Universität München

Untersuchungen zum Vorkommen humanpathogener  
Bakterien bei wildlebendem Wassergeflügel in Bayern

Von Stephan Maximilian Frank Thierfelder  
aus Bayreuth  
München 2019



Aus dem Zentrum für Klinische Tiermedizin der  
Tierärztlichen Fakultät der Ludwig-Maximilians-  
Universität München

Lehrstuhl für aviäre Medizin und Chirurgie

Arbeit angefertigt unter der Leitung von  
Univ.-Prof. Dr. med. vet. Dr. Rüdiger Korbelt



Gedruckt mit der Genehmigung der Tierärztlichen Fakultät  
der Ludwig-Maximilians-Universität München

**Dekan:** Univ.-Prof. Dr. Reinhard K. Straubinger, Ph.D.

**Berichterstatter:** Univ.-Prof. Dr. Rüdiger Korbel

**Korreferent/en:** Prof. Dr. Frank Ebel

**Tag der Promotion:** 27. Juli 2019



Der Familie

Gefördert mit Mitteln aus der Jagdabgabe des  
Bayerischen Staatsministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und  
Forsten (BMELF)





# INHALTSVERZEICHNIS

## ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS

1. EINLEITUNG	1
2. LITERATURÜBERSICHT	5
2.1. Untersuchte Arten	5
2.1.1. Wildenten	5
2.1.1.1. Ernährung	6
2.1.1.2. Vorkommen	6
2.1.1.3. Fortpflanzung	7
2.1.2. Wildgänse	7
2.1.2.1. Ernährung	7
2.1.2.2. Vorkommen	8
2.1.2.3. Fortpflanzung	8
2.2. Erreger	9
2.2.1. <i>Salmonella</i> spp.	9
2.2.1.1. Allgemeines	9
2.2.1.2. Kauffmann-White-Schema	11
2.2.1.3. Krankheitsbild	12
2.2.1.4. Humanpathogene Stämme	16
2.2.2. <i>Campylobacter</i> spp.	16
2.2.2.1. Allgemeines	16
2.2.2.2. Krankheitsbild	17
2.2.2.3. Humanpathogene Stämme	20

2.2.3.	Chlamydien	20
2.2.3.1.	Allgemeines	20
2.2.3.2.	Krankheitsbild	22
2.2.3.3.	Humanpathogene Stämme	25
3.	PUBLIKATION	27
4.	DISKUSSION	39
4.1.	Probennahme	39
4.1.1.	Probenherkunft	39
4.1.2.	Probenentnahmetechnik	40
4.1.3.	Statistik (Probenmenge)	42
4.2.	Untersuchungsmethoden	44
4.3.	Untersuchungsergebnisse	45
4.3.1.	Auf der Jagd erlegte Tiere	45
4.3.1.1.	Salmonellen	45
4.3.1.2.	<i>Campylobacter</i> sp.	49
4.3.1.3.	<i>Chlamydia</i> sp.	61
4.3.2.	Kliniktiere	68
5.	ZUSAMMENFASSUNG	71
6.	SUMMARY	73
7.	LITERATURVERZEICHNIS	75
8.	DANKSAGUNG	93

## ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS

Ag	Antigen	KT	Kloakentupfer
API	Analytical Profile Index	LMHV	Lebensmittelhygiene- verordnung
A <sub>w</sub> -Wert	Wasseraktivität	MLST	Multi Lokus Sequenz Typisierung
BAPS	Bayesian analysis of population structure	MOMP	Major outer membra ne protein
BMELV	Bundesministerium für Ernährung, Land- wirtschaft und Ver- braucherschutz	O	Organe
C.	Campylobacter	RKI	Robert-Koch Institut
C.	Chlamydia	S.	Salmonella
FLI	Friedrich-Löffler- Institut	YOPI	Young, old, pregnant, immunodeficient



---

## 1. EINLEITUNG

Neben Wildenten- hauptsächlich Stockenten (*Anas platyrhynchos*) - und Wildgänsen, den nach Zahlen wichtigsten Vertretern (Kalchreuter 2000) von wildlebendem Wassergeflügel in Mitteleuropa, zählen auch Schwäne, Blässhühner, Säger, Möwen und Haubentaucher zu dieser Gruppe. Diese Arten unterliegen dem Bundesjagdgesetz (§ 2 BJagdG). Für einige dieser Arten werden vom Bundesministerium sowie den Ländern Jagdzeiten festgelegt. Die Jagdzeit für Enten und Gänse liegt im Herbst und Winter.

Während bei Wildenten in den Jahren 2002 bis 2016 die Abschusszahlen bundesweit um 34% und in Bayern um 21% zurückgegangen sind, war bei Wildgänsen im gleichen Zeitraum ein deutlicher Anstieg der Erlegungen festzustellen. Wie in Diagramm 1 und Diagramm 2 dargestellt, betrug dieser in Deutschland 211% und in Bayern 564% (Deutscher Jagdverband 2017; Bayerischer Jagdverband e.V. 2017). Es wird davon ausgegangen, dass der Anstieg der Jagdstrecke in Bayern mit einem entsprechenden Anstieg der Wildganspopulation einhergeht (König et al. 2013). Neben vermehrt anfallenden Schäden in der Landwirtschaft (Wagner 2015) bringt ein erhöhtes Aufkommen von Wildvögeln ein Gesundheitsrisiko mit sich, denn auch klinisch gesunde Tiere können Träger und Ausscheider von potentiell pathogenen Keimen sein (Fallacara et al. 2001; Szymanska-Czerwinska et al. 2017; Blomqvist et al. 2012; Casanovas et al. 1995).

Diagramm 1: Streckenentwicklung Enten und Gänse in Bayern

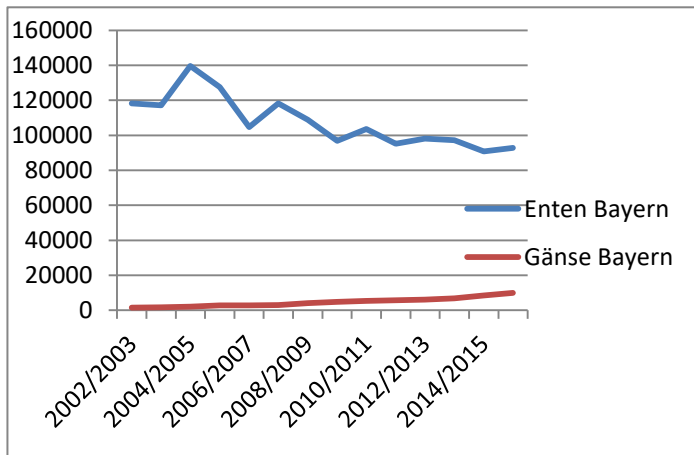
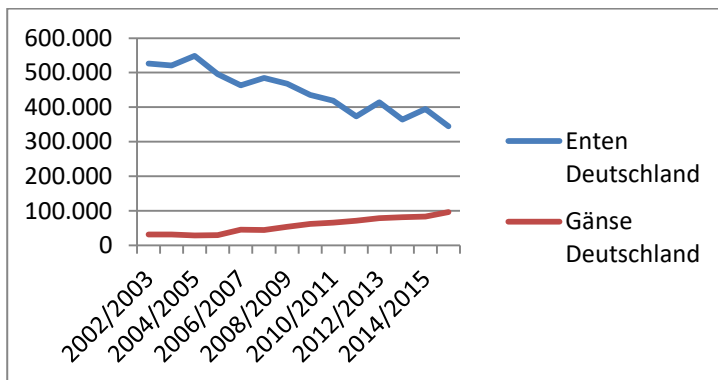


Diagramm 2: Streckenentwicklung Enten und Gänse in Deutschland



---

Die Keimübertragung auf den Menschen kann einerseits über Kotkontamination erfolgen, denkbare Szenarien sind hier die Verunreinigung landwirtschaftlich angebaute Lebensmittel oder von Liegeflächen an Badeseen. Andererseits ist auch eine Keimübertragung durch das Tier selbst möglich, und zwar durch Handling, die Zubereitung und den Verzehr, vor allem von nicht Durchgegartem. Das Wildfleisch, also alle zum Verzehr geeigneten Teile von Wild (Rat der Europäischen Union 1992), gelangt vom Jäger über verschiedene Absatzwege zum Endverbraucher. Dazu gehört auch der Direktverkauf in kleinen Mengen (BfR 2013). Auf diesem Weg entfällt gemäß Lebensmittelhygiene-Verordnung (BfR, BMWi, BMU, BMF, BMJV 2007) im Normalfall die amtliche Lebenduntersuchung und Fleischschau, die bei der konventionellen Fleischerzeugung üblich ist. Obwohl in der Literatur nach unserem Kenntnisstand keine Zahlen darüber vorliegen, wie viel Wildfleisch über die verschiedenen Absatzwege zum Endverbraucher gelangt, ist davon auszugehen, dass ein Großteil des Wassergeflügels direkt vom Jäger an den Endverbraucher verkauft wird. Wie steht es jedoch um die Belastung mit lebensmittelrelevanten Keimen? Jaworek und Ebner haben hierzu 2012 in Bezug auf Wassergeflügel die ersten Untersuchungen in Bayern an Grauganskot im Englischen Garten in München durchgeführt.

Die vorgelegte Arbeit soll einerseits einen Überblick über die Keimausscheidung durch wildlebendes Wassergeflügel verschaffen,

---

andererseits wurden, soweit möglich, auch sogenannte Manifestationsorgane untersucht. Dafür wurden insgesamt 352 Tiere im Zeitraum zwischen September 2015 und Februar 2017 mit verschiedenen Methoden auf die bei jagdbarem Federwild bedeutendsten Zoonosen untersucht. Dies sind die Salmonellose, Campylobacteriose und Psittakose (Deutz und Köfer 2000).

Die Ergebnisse dieser Arbeit wurden bereits in der Wiener Tierärztlichen Monatsschrift, 106 (2019): 75-86 veröffentlicht (Thierfelder et al. 2019).



## 2. LITERATURÜBERSICHT

### 2.1. Untersuchte Arten

Die in Europa seit dem Oligozän heimischen (Rutschke 1990), wild lebenden Enten- und Gänsearten gehören in der Ordnung der Gänsevögel (Anseriformes) zu der Familie der Entenvögel (Anatidae). Nahezu alle Vertreter sind Wasservögel und besitzen gut entwickelte Schwimmhäute zwischen den Zehen. Der Schnabel ist der jeweiligen Ernährungsweise angepasst: Enten haben einen breiten, weichen Schnabel mit Hornlamellen zum Ausfiltern der Nahrung wogegen Gänse einen hohen, kräftigen Schnabel mit Zähnen zum Abbeißen von Gras besitzen. Bei Sägern hingegen findet sich ein schmaler, spitzer Schnabel mit Haken zum Festhalten der Beute (Bezzel 1972).

Laut Bundesjagdgesetz unterliegen Wildenten und Wildgänse dem Jagdrecht (BMELV). Jagd- und Schonzeiten werden vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft mittels Rechtsverordnung mit Zustimmung des Bundesrates festgelegt. Abweichend davon können die Bundesländer eigene Jagd- und Schonzeiten festlegen (BMELV). Für Enten und Gänse gelten in Bayern mit Ausnahme einiger Sondergenehmigungen die Jagd- und Schonzeiten des Bundes.

#### 2.1.1. Wildenten

Enten besitzen einen gedrungenen Körperbau, kurze Beine und einen watschelnden Gang. Als Wasservögel sind sie zeitweilig oder gänzlich

auf das Vorhandensein von Wasser angewiesen. Die Bürzeldrüse, die ein wasserabweisendes Sekret absondert, ist bei allen Arten gut entwickelt. Die in Europa heimischen Wildentenarten werden unterteilt in Gründelenten, Tauchenten, Meeres-Tauchenten und Säger (Rutschke 1990). Bejagt werden in Bayern Stock-, Pfeif-, Krick-, Spieß-, Berg-, Reiher-, Tafel-, Samt- und Trauerenten.

#### **2.1.1.1. Ernährung**

Das Nahrungsspektrum von Enten reicht von kleinsten Planktonteilchen, pflanzlicher Nahrung über Insekten bis hin zu ganzen Fischen. Die Schnabelform ist der jeweiligen Ernährungsweise der Entenart angepasst. Die Nahrungsauswahl orientiert sich am jeweiligen Angebot, wobei die Stockente das breiteste Nahrungsspektrum besitzt. Meerenten sind in Bezug auf Ihre Nahrung spezialisierter (Rutschke 1990).

#### **2.1.1.2. Vorkommen**

Enten finden sich in nahezu ganz Europa, in manchen Regionen aber nur begrenzte Zeit im Jahr. Bevorzugt werden stehende und langsam fließende Binnengewässer sowie flache und inselreiche Meeresküsten. Im Laufe des Jahres ändern sich die Faktoren, die die Wahl des Lebensraumes bestimmen. Während in der Brutzeit artspezifisch unterschiedliche Ansprüche die Wahl des Brutplatzes ausmachen, wird das Nahrungsangebot ab dem Hochsommer zum dominierenden Faktor. Daher kommt es zu einer Konzentration großer Entenscharen in besonders günstigen Gebieten (Bezzel 1972; Rutschke 1990).

### **2.1.1.3. Fortpflanzung**

Im Gegensatz zu Gänsen verpaaren sich Enten nur für ein Jahr. Die meisten Arten sind Bodenbrüter und bauen einfache Nester mit Material aus der näheren Umgebung (Bezzel 1972). Sie brüten nur einmal im Jahr und die Gelegegröße liegt artspezifisch unterschiedlich zwischen 4 und 12 Eiern (Bezzel 1972). Bis auf einzelne Ausnahmefälle sind die Erpel nicht am Brutgeschehen beteiligt. (Bezzel 1972; Rutschke 1990). Die Jungen sind Nestflüchter und verlassen - wieder mit Rasseunterschieden - innerhalb weniger Stunden das Nest und suchen das Wasser auf.

### **2.1.2. Wildgänse**

Gänse sind in der Regel größer als Enten und haben einen längeren und dickeren Hals (Kalchreuter 2000). Die verschiedenen Gänsearten verbinden ein kräftiger Schnabel mit zahnartigen Hornbildungen sowie ein an der Spitze sitzender, gut ausgebildeter Nagel. Grau gefärbte Arten überwiegen, wobei in den letzten Jahren die vergleichsweise bunte Nilgans an Bedeutung gewinnt (König et al. 2013). Schnäbel und Beine sind bei geschlechtsreifen Vertretern aller Arten farbig (Rutschke 1987). In Bayern werden Grau-, Bläss-, Saat-, Ringel-, Kanada- und seit 2014 auch Nilgänse bejagt. Auch hier wurden in Bayern die vom Bund festgesetzten Jagdzeiten im Spätsommer bis zum Winter übernommen.

#### **2.1.2.1. Ernährung**

Gänse ernähren sich hauptsächlich an Land in weidender Form.

Feldfrüchte stellen die Hauptnahrungsquelle dar. Pflanzenteile werden mit den Schnabelseiten abgebissen, abgerupft oder gezupft (Rutschke 1987).

#### **2.1.2.2. Vorkommen**

Gänse sind Zugvögel und die meisten brüten in nördlichen Gebieten wie den arktischen Tundren und den Mündungsgebieten sibirischer Ströme. Mitteleuropa ist aufgrund des Nahrungsangebotes für diese Tiere ein wichtiges Überwinterungsgebiet. Während des Zuges sind die Tiere in großen Scharen unterwegs (Kalchreuter 2000; Rutschke 1997).

#### **2.1.2.3. Fortpflanzung**

Wildgänse leben monogam, die Brutpaare bleiben in der Regel lebenslang zusammen. Dem Weibchen obliegt die Bebrütung des Geleges und dem Männchen die Bewachung des brütenden Weibchens. Der Geschlechtsdimorphismus beschränkt sich lediglich auf Größe, Gewicht und Körperkraft, nicht aber auf die Färbung. Ein Vollgelege besteht rassespezifisch aus 2-9 Eiern, wird 23-29 Tage bebrütet und die Aufzucht dauert zwischen 35 und 60 Tagen. Nach dem Schlupf sind die Gössel innerhalb von Stunden in der Lage zu laufen, zu schwimmen, zu tauchen und zu fressen (Rutschke 1997).

## 2.2. Erreger

### 2.2.1. *Salmonella* spp.

#### 2.2.1.1. Allgemeines

Die nach dem amerikanischen Bakteriologen und Tierarzt D. E. Salmon benannten beweglichen, gram-negativen Bakterien gehören zur Gruppe der Enterobacteriaceae. Salmonellen sind relativ unempfindlich gegenüber Umwelteinflüssen, sie können sich in einem Temperaturbereich von 8 bis 45 °C sowie bei einem pH-Wert zwischen 4 und 9 vermehren. Für ihr Wachstum benötigen sie jedoch einen  $a_w$ -Wert von 0,94 und bei einer Temperatur von über 70 °C werden sie abgetötet. Mit Ausnahme von *Salmonella gallinarum* und *pullorum* sind die Bakterien beweglich durch peritriche Begeißelung, sie bilden keine Sporen oder Mikrozysten aus und sind nicht säureresistent. Die sehr widerstandsfähigen Vertreter der Enterobacteriaceae können als fakultativ anaerobe Organismen auch ohne Sauerstoff überleben, indem sie anaeroben Metabolismus betreiben. Auch außerhalb des tierischen Körpers können sie vorkommen und sich vermehren (Guthrie 1992; Siegmann 2005; Rolle et al. 1984).

Dadurch, dass die überwiegende Zahl der Serovaren keine Wirtsspezifität besitzt, können sich nur schwer überschaubare Infektketten unter Einschluss verschiedener Tierarten, des Menschen sowie der Umwelt entwickeln (Rolle und Mayr 2007). Die Infektion mit Salmonellen geschieht meistens oral über Futtermittel, die durch Ausscheidungen infizierter Tiere, über Gülle, Jauche, Dung oder

Siedlungsabwässer kontaminiert werden. Daneben spielt auch die Infektion auf aerogenem und konjunktivalem Weg, über den Nasen-Rachen-Raum sowie germinativ - also eine Form der vertikalen Übertragung über die Eizellen von Elterntieren über Keimzellen auf die Nachkommen - eine Rolle (Hiepe und Aspöck 2006).

Bei der Gruppe der tieradaptierten Salmonellen steht die Einschleppung durch latent infizierte Tiere in einen Bestand sowie die Verbreitung über Ausscheidungen im Vordergrund, wobei dem latenten Trägertum keine klinisch apparente Erkrankung vorangegangen sein muss. Salmonellenträger sind vor allem adulte Tiere, klinisch manifeste Erkrankungen hingegen treten meist nur bei Jungtieren auf (Rolle und Mayr 2007).

Aus der Haltung von Wassergeflügel ist bekannt, dass durch den hohen Infektionsdruck auf stehenden sowie verschlammten Gewässern speziell Enten und Gänse als Träger von Salmonellen im Fokus stehen. Die im Vergleich zum Hühnerei dickere Schalenhaut begünstigt zudem beim Entenei die Besiedelung mit Salmonellen (Rolle und Mayr 2007). Besonders in Abwässern, wo organische Substanzen aus Haushalten, Schlachtereien und Molkereien einen vorzüglichen Nährboden bilden, finden sich oft Salmonellen. Im fließenden Wasser ist die Vermehrung der Salmonellen nicht sehr stark (Rahmsdorf-Ebbers 1976).

Die hohe Tenazität, also Überlebensfähigkeit unter verschiedensten Bedingungen, erschwert ihre Bekämpfung (Guthrie 1992).

#### 2.2.1.2. Kauffmann-White-Schema

Die Unterscheidung der bisher ca. 2500 bekannten Salmonellenserovare (Robert Koch Institut 2016b) basiert auf dem Kauffmann-White Schema, welches die rasch anwachsende Zahl an Salmonellen anhand von O- und H-Antigenen unterscheidet (Guthrie 1992; Rolle und Mayr 2007, 2007). Serologisch werden die vorhandenen O- und H- Antigene eines Salmonellenserovars bestimmt. Die O-Antigene werden durch arabische Zahlen bezeichnet. Serovare mit gemeinsamen Haupt-O-Antigenen werden in Gruppen zusammengefasst, welche wiederum mit Buchstaben gekennzeichnet werden. Im Gegensatz zu den Haupt-O-Antigenen kommen die sogenannten Minor-O-Antigene bei mehreren Gruppen vor. Bei den H-Antigenen werden monophasische und biphasische Serovaren unterschieden. Ausschließlich monophasisch sind beispielsweise Salmonella Typhi und Salmonella Dublin, alle Zellen der Kultur exprimieren das gleiche H-Antigen. Bei einem biphasischen Serovar hingegen liegen innerhalb einer Kultur zwei Zelllinien vor, die entweder das H-Antigen der ersten Phase oder das H-Antigen der zweiten Phase exprimieren. Eine Zelle exprimiert aber immer nur eine der beiden möglichen H-Phasen. H-Ag der ersten Phase wird mithilfe von kleinen lateinischen Buchstaben, H-Ag der zweiten Phase durch arabische Ziffern gekennzeichnet.

Nach einer Vordifferenzierung der Kolonien auf Differentialnährböden wird die Serovarendiagnostik mithilfe der Objektträgeragglutination unter Verwendung käuflicher O- und H-Antiseren vorgenommen

(Rolle und Mayr 2007).

Das Genus *Salmonella* besteht nach DNA-Analysen aus 2 Spezies: *Salmonella choleraesuis* mit 6 Subspezies und *Salmonella bongori*. Seit dem Jahr 2005 heißt die Spezies *Salmonella choleraesuis* jetzt *Salmonella enterica* (Rolle und Mayr 2007).

Innerhalb eines Serovars lassen sich verschiedene Stämme beziehungsweise Klone unterscheiden. Durch Lysotypie und Resistenzbestimmung lassen sich die Serovare weiter in sogenannte Phagovaren oder auch Serotypen unterteilen. Bei einigen Serovaren haben sich hier jeweils unterschiedliche Schemata zur Bestimmung durchgesetzt (Rolle und Mayr 2007).

Die Zuordnung von Virulenzeigenschaften einzelner Salmonellen aufgrund ihrer Zugehörigkeit zu den Gruppen des Kauffmann-White-Schemas oder aufgrund der Unterscheidung nach Erregern fieberhafter Allgemeininfektion oder enterischer Salmonellen ist nicht möglich. Die Virulenz einer Salmonelle definiert sich über Adhäsivität, Invasivität, fakultativ intrazellulären Parasitismus sowie die Toxinbildung (Rolle und Mayr 2007).

#### **2.2.1.3. Krankheitsbild**

Zu den Salmonellen gehören die Gruppen der Enteritis erregenden Salmonellen und die Salmonellen der Typhus-Paratyphus-Gruppe (Krämer 2011). *Salmonella typhi* und *S. paratyphi* A, B und C sind hochgradig an den Menschen angepasst. Darüber hinaus existiert eine



große Anzahl an Salmonellen, die für alle Tierarten mehr oder weniger pathogen sind und beim Menschen durch Nahrungsmittelvergiftungen Gastroenteritis verursachen können. Als kleine Gruppe sind davon tierartspezifische Salmonellen abzugrenzen, die an eine bestimmte Tierart besonders adaptiert sind. Dazu gehören *S. abortus-equi*, *S. abortus-ovis*, *S. cholerae-suis* (jetzt *Salmonella enterica*), *S. typhi-suis* und *S. gallinarum-pullorum* (Dedié et al. 1993).

#### 2.2.1.3.1. Mensch

Bei einer Infektion mit Salmonellen der Typhus-Paratyphus-Gruppe kommt es zu einer Allgemeininfektion in Form einer Septikämie (Müller und Weber 2013). Laut Robert Koch Institut ist bei Typhus und Paratyphus seit Jahren ein deutlicher Rückgang der Krankheitsfälle zu vermelden. Im Jahr 2014 wurden in Deutschland 58 Fälle von Typhus abdominalis gemeldet und nur 26 Paratyphus-Fälle. Gegenüber dem Vorjahr (56 Erkrankungen) ist dies ein Rückgang um 54% und zugleich die niedrigste Zahl an übermittelten Erkrankungsfällen seit 2001 (Robert Koch Institut 2015b). Bei einer Erkrankung durch Enteritis erregende Salmonellen hingegen bleibt das Krankheitsgeschehen im Wesentlichen auf den Darm beschränkt, nur selten kommt es zu einer Allgemeininfektion (Müller und Weber 2013). Die Anzahl dieser Erkrankungen stieg bis 1992 steil an, um anschließend wieder deutlich zurückzugehen. Trotzdem spielen Salmonellen noch eine große Rolle, so wurden im Jahr 2010 noch 25.307 Fälle gemeldet (Krämer 2011), 18.985 Fälle im Jahr 2013, 16.222 Fälle im Jahr 2014 sowie 12.962 Fälle im Jahr 2016 (Robert Koch Institut 2017). Laut einer Schätzung

von Conraths et al. (2004) ist die Dunkelziffer relativ hoch und der Anteil gemeldeter Salmonella-Infektionen repräsentiert lediglich 10-20% der tatsächlich vorkommenden Erkrankungsfälle beim Menschen.

Nicht nur als unmittelbarer Infektionserreger beim Menschen stellen Salmonellen ein Problem dar, sondern auch als Lebensmittel-assoziiierter Keim, vor allem in der Geflügelfleischindustrie - und das weltweit (Guthrie 1992). Laut Bundesgesundheitsblatt werden ca. 60% aller Salmonella Infektionen durch Eier, Eiprodukte (fast ausschließlich *Salmonella Enteritidis*) und Geflügelfleisch hervorgerufen.

#### **2.2.1.3.2. Tier**

Neben den Virulenzfaktoren des einzelnen Erregers spielen bei der Infektion von Tieren die tierartspezifische und individuelle Empfänglichkeit eine Rolle. Bei Jungtieren erfolgt die Passage durch den Magen - aufgrund des höheren pH-Wertes im Vergleich zu adulten Tieren - weitgehend ungestört. Im Darm findet die Vermehrung des Erregers statt und es kommt zu Durchfall, Fieber und Kreislaufkomplikationen. Bei ausreichender Keimzahl kann es hämatogen oder lymphogen zu einer Allgemeininfektion kommen. Nach Erreichen der Leber sowie der Gallenwege sind ein langes Trägertum sowie das intermittierende Ausscheiden des Erregers möglich. In der Folge kann es durch die hämatogene Streuung des Erregers zur Infektion von Milz, Nieren, Lunge und Knochenmark sowie Geschlechtsorganen kommen. Nach dieser Generalisation

kommt es zu pathomorphologischen Veränderungen an Organen, in denen sich die Erreger manifestieren.

Je nach Schwere der Infektion sind die Keimzahlen in Organen sowie die Keimausscheidung gering oder es kann bei schweren Verläufen aufgrund eines endotoxischen Schocks sowie Exsikkose zum Tod des Tieres kommen.

Nach überstandener Infektion sowie inapparentem Verlauf muss mit latentem Trägertum gerechnet werden. Die Erreger persistieren dann meist in geringer Zahl noch in Galle, Leber, Darminhalt sowie in portalen und mesenterialen Lymphknoten (Dedié et al. 1993).

Bei Wirtschaftsgeflügel spielen Enten und Gänse als Quelle für Salmonellen eine große Rolle. Im Rahmen des Zoonosenmonitorings wurden 2014 bei Gänsefleisch in 16% und bei Entenfleisch in 6% der untersuchten Proben Salmonellen nachgewiesen (Hartung et al. 2016). Meist verlaufen Salmonellosen bei ihnen latent, es kommt nur selten zu klinischen Erkrankungen mit morphologischen Veränderungen wie Septikämie, Enteritis und Arthritiden. Vor allem Küken und Jungtiere sowie durch Umweltfaktoren geschwächte Tiere sind gegenüber einer Infektion empfänglich. Bei Wildtieren kommt es beispielsweise in Hunger- oder Kälteperioden zu erhöhter Jungtiersterblichkeit. Bei Enten ist das Vorkommen von *S. typhimurium* sowie *S. enteritidis* bekannt, bei Gänsen vor allem *S. enteritidis* (Dedié et al. 1993).

Im Gegensatz zu diesen bei Wirtschaftsgeflügel erhobenen Daten sind

die Nachweise bei Wildvögeln meist deutlich niedriger. Auch bei Wildvögeln haben Salmonellen speziell bei gesellig lebenden Vögeln ihren Anteil an Wintersterblichkeit und Jungtiersterben in Brutkolonien (Steininger 1967; Dedié et al. 1993). Das Serovar Gallinarum-pullorum von *Salmonella enterica enterica* ist an Wildenten, Sperlinge und Fasanen adaptiert (Dedié et al. 1993).

Nach natürlicher sowie künstlicher Infektion mit Typhus- oder Paratyphus-Erregern sind beim Tier keine entsprechenden Erscheinungen zu beobachten, wie sie bei erkrankten Menschen auftreten (Rolle et al. 1984).

#### **2.2.1.4. Humanpathogene Stämme**

Sämtliche Angehörige der Gattung Samonella sind tierpathogen und teilweise mit Virulenzfaktoren an den Menschen angepasst (Fuchs 2014; Rahmsdorf-Ebbers 1976). Somit ist jedes Salmonellenisolat von Tieren als potenzieller Zoonoseerreger zu betrachten (Rolle und Mayr 2007).

#### **2.2.2. *Campylobacter* spp.**

##### **2.2.2.1. Allgemeines**

Zur Klasse der Epsilonproteobacteria zählen *Campylobacter*, *Arcobacter* sowie *Helicobacter*. *Campylobacter* sind gram-negative, sporenlose, gekrümmte bis spiralig gewundene Stäbchenbakterien. Durch uni- oder bipolare, monotriche Begeißelung erlangen sie ihre Beweglichkeit. Der optimale Temperaturbereich liegt zwischen 30 und

42 °C. Wegen ihres Wachstumsoptimums von 42 °C werden die Spezies *C. jejuni*, *C. coli*, *C. lari* und *C. upsalensis* als thermophile Campylobacter bezeichnet. Das Vorkommen von Campylobacter ist ubiquitär, doch verschiedene Spezies sind human- sowie tierpathogen (FLI 2014). Der Erreger nutzt ein weites Wirtsspektrum, im Gegensatz zu Salmonellen reichert er sich nicht in Lebensmitteln an, dafür ist aber eine geringere Infektionsdosis von circa 500 Keimen für eine Infektion des Menschen ausreichend (Rolle und Mayr 2007).

#### **2.2.2.2. Krankheitsbild**

Wie die meisten Zoonoseerreger verursacht Campylobacter in den Tierbeständen kaum auffällige Erkrankungen, wohl aber beim Menschen (Glünder und Weber 2000).

##### **2.2.2.2.1. Mensch**

In den letzten Jahren gewinnt die Campylobakteriose immer mehr an Bedeutung. Im Jahr 2016 wurden in Deutschland 73.999 Fälle und 477 Ausbrüche gemeldet, wohingegen es 2014 70.972 Fälle waren und 2013 noch 63.649 (Robert Koch Institut 2017). Seit mehreren Jahren ist die Campylobacter-Enteritis die häufigste durch Lebensmittel übertragbare Erkrankung in der EU (Bundesinstitut für Risikobewertung 2015). Betroffen sind in Industrieländern alle Altersgruppen, in Entwicklungsländern überwiegend Kinder im Alter von unter zwei Jahren. Nach einer ein- bis siebentägigen Inkubationszeit manifestiert sich die Erkrankung am häufigsten mit Fieber, Kopfschmerzen, Unwohlsein und Durchfall. Im Anschluss kann

es zu wässrigen und blutigen Durchfällen, abdominalen Schmerzen und seltener auch zu Erbrechen, Meningitis, Abort oder Proktitis kommen. *Campylobacter jejuni* wird auch als Auslöser des Guillain-Barré-Syndroms diskutiert. Dabei handelt es sich um eine schwerwiegende neurodegenerative Erkrankung, jedoch tritt diese nur in seltenen Fällen auf (FLI 2014; Skirrow 1991, 1994; Glünder und Weber 2000; Gillespie et al. 2002).

Als Hauptreservoir für die Infektion des Menschen gilt der Darmtrakt vieler Wild-, Nutz- und Haustiere. Die Übertragung der Erreger auf den Menschen erfolgt überwiegend durch kontaminierte Lebensmittel, vor allem Geflügelfleisch, Geflügelfleischprodukte, Rohmilch und Hackfleisch. Das Fleisch geschlachteter Säugetiere spielt dagegen eine untergeordnete Rolle in der Epidemiologie der Infektion, da *Campylobacter* auf der Oberfläche der Tierkörper durch das Abtrocknen beim Kühlvorgang absterben (Conraths et al. 2004). Die darmpathogene *Campylobakteriose* des Menschen ist laut IfSG meldepflichtig (Deutscher Bundestag 2000).

#### **2.2.2.2. Tier**

Thermophile *Campylobacter*-Spezies kommen bei vielen Wild-, Nutz- und Haustieren vor, jedoch sind sie durch ihre optimale Wachstumstemperatur von 42 °C speziell an Vögel adaptiert und auch weltweit bei Wild- und Wirtschaftsgeflügel verbreitet (Siegmann 2005; Conraths et al. 2004). In der Literatur gibt es unterschiedliche Angaben, ob es sich bei *Campylobacter* um einen Bestandteil der

natürlichen Darmflora von Vögeln handelt oder nicht (Glünder und Weber 2000). Beim Mastgeflügel erfolgt die Übertragung von *Campylobacter* auf oralem Weg, eine Infektion über Sperma oder Bruteier ist nicht bekannt. Belebte sowie unbelebte Vektoren spielen bei der Einschleppung eine große Rolle - nach der Infektion ist das Caecum der Hauptort der Kolonisation. Bei Geflügel in Bodenhaltung sind nach Erregereinschleppung innerhalb von ein bis zwei Wochen alle Tiere infiziert. Ein großer Anteil der Hühnerbestände ist mit *C. jejuni* belastet. Die Pathogenität des Erregers resultiert einerseits aus der Produktion eines Toxins während seiner Vermehrung im Darmlumen, welches wässrigen Durchfall verursacht, andererseits durch die Vermehrung in Schleimhautzellen. Von dort kann er hämatogen Leber, Milz und andere Organe erreichen. Es wird angenommen, dass für das Verursachen von Leberveränderungen der synergistische Einfluss anderer Erreger notwendig ist (Siegmann 2005). In der Regel werden keine klinischen Symptome diagnostiziert, die medizinische Bedeutung liegt vielmehr in der Kontamination der Schlachtkörper und der damit einhergehenden Gefahr von Lebensmittelinfektionen (Rolle und Mayr 2007).

Die durch thermophile *C.*-Stämme verursachte Campylobakteriose ist bei Wiederkäuern, Hunden, Katzen und dem Geflügel meldepflichtig (Rolle und Mayr 2007; Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft 1983).

### 2.2.2.3. Humanpathogene Stämme

Jedes *Campylobacter*-Isolat muss nach derzeitigem Kenntnisstand als potenziell humanpathogen eingestuft werden, da es keine zuverlässigen Methoden gibt, die eine Virulenzabschätzung des Erregers ermöglichen (Conraths et al. 2004). Unter den 12 humanpathogenen Spezies besitzen *C. coli* und *C. jejuni* als Erreger der *Campylobacter*-Enteritis die größte gesundheitliche Bedeutung. Etwa 93-95% der *Campylobacter*-Infektionen des Menschen sind auf die thermophilen Spezies *C. jejuni* oder seltener *C. coli* zurückzuführen (FLI 2014; Conraths et al. 2004; Gillespie et al. 2002; Nadeau et al. 2002).

*Campylobacter coli* findet in der Literatur hauptsächlich in Zusammenhang mit Schweinen Erwähnung. Beim Menschen wird der Erreger mit Gastroenteritis und Septikämie in Verbindung gebracht (Conraths et al. 2004; FLI 2014).

### 2.2.3. Chlamydien

#### 2.2.3.1. Allgemeines

*Chlamydia psittaci* ist der Erreger der beim Menschen und bei Tieren meldepflichtigen Chlamydiose, die auch als sogenannte Papageienkrankheit oder als Ornithose bekannt ist. Der unbewegliche, kokkoide Erreger liegt extrazellulär als Elementarkörperchen vor und ist mit 0,2 µm eines der kleinsten gramnegativen Bakterien. In seiner



metabolisch aktiven Form, als Retikularkörperchen, beträgt die Größe ca. 1,5 µm. Es handelt sich um ein obligat intrazelluläres Bakterium. Das Zielgewebe des Keims ist die Lunge, jedoch vermehrt sich der Erreger auch in Monozyten und Makrophagen, wodurch es zur systemischen Erregerdisseminierung kommt. *Chlamydia psittaci* wird hauptsächlich über den Nasen-Rachen-Raum sowie mit Fäzes ausgeschieden, die Übertragung erfolgt hauptsächlich aerogen, aber auch oral, kongenital und genital. Die Virulenz des Erregers variiert zwischen den einzelnen Erregerisolaten, jedoch verfügen alle über eine hohe Tenazität in trockenem Milieu. In Vogelexkrementen und -sekreten ist der Erreger lange überlebensfähig (Siegmann 2005; Essig 2009; Dedié et al. 1993; Robert Koch Institut 2017).

Die Taxonomie innerhalb der Ordnung Chlamydiales war in der Vergangenheit nicht unumstritten. Die von Everett et al. 1999 vorgeschlagene Einführung der neuen Familie Chlamydiales stieß auf erheblichen Widerspruch (Schachter et al. 2001) und konnte sich dauerhaft nicht durchsetzen. In der Ordnung Chlamydiales werden die Familien Parachlamydiaceae, Chlamydiaceae, Simkaniaceae und Waddliaceae zusammengefasst. Zu den Chlamydiaceae zählen die Spezies *C. trachomatis*, *C. suis*, *C. muridarum*, *C. psittaci*, *C. pneumoniae*, *C. pecorum*, *C. felis*, *C. caviae* sowie *C. abortus*. Erst im Jahr 1989 beziehungsweise 1992 wurden die Spezies *C. pecorum* und *C. pneumoniae* beschrieben, diese Erreger zählten zuvor auch zu *C. psittaci* (Everett 2000). Im Jahr 2014 wurden zwei neue Spezies – *C.*

*avium* und *C. gallinacea* – dem Genus *Chlamydiaceae* zugeordnet. Das zoonotische Potenzial dieser beiden neu entdeckten Spezies ist noch ungeklärt (Sachse und Laroucau 2014).

Entgegen der bisherigen Annahme, dass Vögel lediglich die Spezies *Chlamydia psittaci* beherbergen können, zeigen aktuelle Forschungsarbeiten, dass neben den neu klassifizierten *Chlamydia avium*, *Chlamydia gallinacea* und *Candidatus Chlamydia ibidis* (Sachse et al. 2015) auch *C. abortus*, *C. pecorum*, *C. trachomatis*, *C. suis* und *C. muridarum* beim Vogel vorkommen können (Szymanska-Czerwinska et al. 2017; Pantchev et al. 2009; Sachse et al. 2012; Guo et al. 2016). Das humanpathogene Potential dieser Chlamydien ist bei einigen, jedoch nicht für alle Arten geklärt (Puyssseleyr et al. 2014; Stephens et al. 1998; Pantchev et al. 2009).

#### **2.2.3.2. Krankheitsbild**

##### **2.2.3.2.1. Mensch**

Die Infektion erfolgt auch beim Menschen meist aerogen, in der Lunge gelangt der Erreger in Epithelzellen sowie in Makrophagen, von wo aus es zu einer hämatogenen Generalisation kommt. Die Erkrankung manifestiert sich nach einer ein- bis zweiwöchigen Inkubationszeit in variabler Ausprägung. Neben klinisch unauffälligen Erkrankungen kann es zu schweren systemischen Krankheitsbildern kommen. Vorherrschend ist eine atypische Pneumonie mit unproduktivem Husten. Die häufigsten Symptome sind hohes Fieber,

Gliederschmerzen und starke Kopfschmerzen. Leber- und Milzvergrößerungen, aber auch Durchfall, Übelkeit, Verwirrtheit, Erbrechen, sowie Entzündungen des Herzens, Gehirns, der Leber und Bindehäute sind beschrieben (Essig 2009; Dedié et al. 1993; Robert Koch Institut 2017). In den Jahren 2013-2016 wurden jeweils neun bis zehn Ornithosefälle in Deutschland gemeldet (Robert Koch Institut 2014, 2015a, 2016a, 2017).

Trotz einer seit circa 70 Jahren bestehenden Anzeige- und Bekämpfungspflicht der Psittakose und der seit mehr als 30 Jahren bestehenden Meldepflicht ist es nicht gelungen, die Häufigkeit, mit der die Erkrankung beim Vogel und Menschen auftritt, auf ein niedriges Niveau abzusenken. Zahlen über das tatsächliche Ausmaß des Vorkommens von Chlamydien bei Tier und Mensch sind nicht bekannt (Kaleta et al. 2002).

#### **2.2.3.2.2. Tier**

Die Erkrankung von Psittaciden nach Infektion mit Chlamydien wird als Psittakose bezeichnet, die von Stubenvögeln, Nutzgeflügel und Wildvögeln als Ornithose. Klinisch unterscheiden sich die Erkrankungen nur graduell. Infektionen wurden bei allen Hausgeflügelarten sowie bisher bei mehr als 450 freilebenden oder als Ziervogel gehaltenen Vogelarten festgestellt. Papageien, Prachtfinken, Kanarienvögel und Putenküken sind hochempfindlich, Enten Gänse, Tauben, Sittiche und Kakadus mittelgradig empfänglich, wohingegen Hühnervögel, Möwen und Krähen sowie andere Wildvögel wenig

empfänglich sind. Auch beim Geflügel ist die aerogene Infektion durch die infektiösen Elementarkörperchen die häufigste Form. Hochvirulente Stämme können hohe Morbidität, Mortalität sowie erhöhte Beanstandungsraten nach der Schlachtung bedingen (Siegmann 2005).

Die akute Erkrankung verläuft als fieberhafte Allgemeinerkrankung mit Mattigkeit, Anorexie, flüssigen Fäzes und hoher Letalität. Die Mortalität erreicht 80 bis 100%. Bei subakutem Verlauf mit anfänglichem Fieber, Appetitmangel sowie Rückgang der Legeleistung bei Wirtschaftsgeflügel folgen schleimig-eitrige, später krustige Konjunktivitis, Rhinitis, Atembeschwerden sowie Krämpfe und Lähmungen. Hierbei beträgt die Morbidität 50 bis 80%, die Letalität 10 bis 30%. Neben der klinisch apparenten Infektion ist jedoch das latente Trägertum mit intermittierender Erregerausscheidung ohne Krankheitsanzeichen häufig bzw. die Regel. Eventuell kann neben einem Rückgang der Legeleistung sowie des Futtermittelsverbrauchs bei Enten und Tauben erhöhte Jungtiersterblichkeit festgestellt werden (Siegmann 2005; Dedié et al. 1993; Harkinezhad et al. 2009).

Bei der pathologischen Untersuchung finden sich fibrinöse Perikarditis, Perihepatitis, feine Nekrosen in den vergrößerten parenchymatösen Organen sowie Milzschwellung und peritoneale Verwachsungen. Auch Luftsackentzündung, Lungenentzündung sowie Peritonitis zählen zu den möglichen Befunden. Speziell in der konventionellen Entenhaltung in Europa stellt die Chlamydiose ein

ernsthaftes ökonomisches Problem dar, das auch das Berufsrisiko Beteiligter betrifft (Harkinezhad et al. 2009; Szymanska-Czerwinska et al. 2017; Laroucau et al. 2009).

### **2.2.3.3. Humanpathogene Stämme**

Die Pathogenitätsfaktoren von *C. psittaci* sind nicht definiert. Die Sequenzunterschiede des „major outer membrane protein“ (MOMP) hat zu einer Klassifizierung von sechs Serovaren (A-F) geführt, wobei den Serovaren C, D und E im Zusammenhang mit Menschen besondere Bedeutung zukommt. Da der virulenzsteuernde Mechanismus für Chlamydien noch nicht bekannt ist, muss jedes Chlamydienisolat als potentiell humanpathogen betrachtet werden (Dedié et al. 1993; Everett et al. 1999; Essig 2009).



### 3. PUBLIKATION

Das Manuskript wurde in der Wiener Tierärztlichen Monatsschrift, 106 (2019): 75-86 veröffentlicht.



Wiener Tierärztliche Monatsschrift – Veterinary Medicine Austria

106 (2019)

Aus der Klinik für Vögel, Kleinsäuger, Reptilien und Zierfische, Zentrum für klinische Tiermedizin<sup>1</sup>, Ludwig-Maximilians-Universität München, Deutschland, und der Bezirkshauptmannschaft Murau<sup>2</sup> – Veterinärreferat, Österreich

## Untersuchungen zum Vorkommen humanpathogener Bakterien bei wildlebendem Wassergeflügel in Bayern

S. THIERFELDER<sup>1</sup>\*, A. SCHMITZ<sup>1</sup>, M. RINDER<sup>1</sup>, A. DEUTZ<sup>2</sup> und R. KORBEL<sup>1</sup>

Eingelangt am 26. November 2018  
Angenommen am 21. Februar 2019

**Schlüsselwörter:** Wildgänse, Wildenten, Jagd, Anatidae, *Campylobacter* sp., *Salmonella* sp., *Chlamydia* sp., Zoonose.

**Keywords:** Wild geese, wild ducks, hunting, Anatidae, *Campylobacter* sp., *Salmonella* sp., *Chlamydia* sp., zoonosis.

#### ■ Zusammenfassung

Vor allem bei Wildgänsen ist es in den letzten Jahren in Mitteleuropa zu einem starken Populationsanstieg gekommen, was zu verstärkten Verunreinigungen von Liegeflächen und landwirtschaftlichen Flächen durch Kot geführt hat. In dieser Studie wurde an einigen repräsentativen Standorten in Bayern die Belastung des wildlebenden Wassergeflügels mit bakteriellen Zoonoseerregern (*Salmonellen*, *Campylobacter* und *Chlamydien*) ermittelt. Entsprechend dem „One-Health“-Ansatz sollte so eine mögliche Gefährdung von Vögeln und Menschen frühzeitig erkannt und Informationen zur Lebensmittelsicherheit von aus jagdbarem Wild gewonnenen Lebensmitteln erhalten werden. Im Zeitraum von September 2015 bis Februar 2017 wurden daher insgesamt 352 Wildwasservögel aus Bayern, vor allem Wildenten und Wildgänse, beprobt. 320 Vögel wurden im Rahmen von Jagden in zehn Landkreisen erlegt und 32 Wildvogelpatienten wurden in eine Tierklinik eingeliefert. Eine Untersuchung auf *Salmonellen* erfolgte bei 319 Tieren (294 Kloakentupferproben und 84 Organproben) mittels Anreicherungsverfahren und anschließender phänotypischer Differenzierung. Realtime-PCR-Verfahren zur Detektion von *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli* und *Chlamydia* sp. wurden bei 351 Vögeln angewendet (324 Kloakentupfer und 101 Organproben). *Salmonellen* (*Salmonella enterica* ssp. *enterica* serovar Enteritidis) wurde bei einer jagdlich erlegten Ente (0,3 %) nachgewiesen. *Campylobacter*

#### ■ Summary

The occurrence of zoonotic bacteria in free-ranging waterfowl in Bavaria

#### Introduction

Populations of wild geese have increased in Central Europe during the last years, with a concurrent increase in the contamination of lawns and agricultural fields by droppings. We aimed to determine the presence of important zoonotic bacteria such as *Salmonella* sp., *Campylobacter* sp. and *Chlamydia* sp. in the waterfowl of several representative regions of Bavaria and, consistent with the “one health” approach, to identify possible hazards for avian and human health and for the food safety of game meat.

#### Material and Methods

Between September 2015 and February 2017, 352 birds from Bavaria, mainly wild ducks and wild geese, were examined. 320 birds were bagged on hunts in ten districts and 32 were submitted to a veterinary clinic. 319 of them (294 cloacal swabs and 84 samples of inner organs) were tested for *Salmonella* sp. by enrichment methods and subsequent phenotypical differentiation. Real-time PCR was used on samples from 351 birds (324 cloacal swabs and 101 organ samples) to detect *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli* and *Chlamydia* sp.

\*E-mail: vorstandsassistentz@vogelklinik.vetmed.uni-muenchen.de

jeuni konnte bei 9,4 % der jagdlich erlegten Vögel und bei 6,5 % der Klinikpatienten detektiert werden. Eine Infektion mit *Campylobacter coli* wurde dagegen bei keinem Vogel ermittelt. Ein Nachweis von Chlamydien gelang bei 1,3 % der jagdlich erlegten Vögel und bei 9,7 % der Klinikpatienten. Hierbei wurde *Chlamydia abortus* Genotyp 2 zum ersten Mal in Deutschland nachgewiesen, und zwar bei einer Ente und bei einer Gans. Aus den geringen Nachweisraten humanpathogener Keime bei Wildwassergeflügel in Bayern ergibt sich bei Einhaltung üblicher Hygienemaßnahmen eine geringe, jedoch nicht zu vernachlässigende Infektionsgefahr für Naturfreunde, Wildfleisch verarbeitende Personen und Konsumenten.

**Abkürzungsverzeichnis:** API = Analytical Profile Index; Ct = cycle threshold; MALDI-TOF Matrix-Assisted-Laser-Desorption-Ionization-Time-Of-Flight

## ■ Einleitung

Das Zugverhalten von Wildenten und Wildgänsen variiert häufig innerartlich und je nach herrschenden klimatischen Bedingungen. Zum einen gibt es Teilzieher, die im kältesten Teil ihres Verbreitungsgebietes ihr Brutgebiet regelmäßig im Winter verlassen, bei gemäßigten Temperaturen aber auch im Winter an ihrem Standort bleiben. Andere Arten hingegen ziehen jedes Jahr im Frühjahr und im Herbst und legen dabei bis zu 8000 km zurück, um ihr Überwinterungsgebiet oder ihr Brutgebiet zu erreichen (RUTSCHKE, 1997). Gänse bilden während des Zuges und in den Überwinterungsgebieten große Scharen, und auch bei Enten kann es bereits im Hochsommer in Gebieten mit großen Oberflächengewässern zu großen Tieransammlungen kommen (RUTSCHKE, 1997; KALCHREUTER, 2000).

Enten und Gänse gehören in Deutschland und Österreich zum jagdbaren Wild und die Jagdzeit beginnt je nach Tierart unterschiedlich im Spätsommer oder Herbst und endet meist Mitte Januar. Während bei Wildenten im Zeitraum von 2002 bis 2016 die Abschusszahlen deutschlandweit um 34 % und in Bayern um 21 % zurückgingen, war bei Wildgänsen im selben Zeitraum ein deutlicher Anstieg der Erlegungen, in Deutschland um 211 % (Zahl der erlegten Gänse 2002/2003: 30.937, 2015/2016: 96.217) und in Bayern sogar um 564 % erkennbar (Zahl der erlegten Gänse 2002/2003: 1.491, 2015/2016: 9.912) (BAYERISCHER JAGDVERBAND E.V., 2017 persönliche Mitteilung; DEUTSCHER JAGDVERBAND, 2017, persönliche Mitteilung) (Abb. 1, Abb. 2). Es wird davon ausgegangen, dass dieser große Anstieg der Jagdstrecke in Bayern auch mit einem entsprechenden Anstieg der Wildganspopulation einhergeht (KÖNIG et al., 2013).

Die stark angestiegene Zahl von Wildgänsen bringt nicht nur vermehrt Schäden in der Landwirtschaft

## Results

*Salmonella enterica* ssp. *enterica* serovar Enteritidis was detected in a single bagged duck (0,3 %). *Campylobacter jejuni* was identified in 9,4 % of bagged animals and in 6,5 % of clinical patients, whereas *Campylobacter coli* was not found in any bird. The rate of detection of *Chlamydia* sp. in hunted birds was 1,3 % and in clinical patients 9,7 %. We provide the first demonstration of the occurrence of *Chlamydia abortus* genotype 2 in Germany in a duck (*Anatinae*) and a goose (*Anserinae*).

## Conclusion

Zoonotic bacteria in Bavarian waterfowl pose a low but not negligible threat to nature lovers and people who process and consume meat from free-ranging waterfowl, assuming that standard hygiene protocols are followed.

(WAGNER, 2015), sondern möglicherweise auch erhöhte Gesundheitsrisiken für die Vögel und den Menschen mit sich, denn Wildvögel gelten als Reservoir für verschiedene Infektionserreger. Eine Übertragung der Erreger ist dabei nicht nur über mit Enten- oder Gänsekot verunreinigte landwirtschaftliche Produkte oder Liegewiesen an Badeseen denkbar, sondern auch über bei der Jagd erlegte Vögel und ihr Fleisch möglich. Risiken liegen dabei im Konsum von Wildfleisch, besonders von nicht Durchgegartem und von Rohprodukten, aber auch in der Handhabung, zum Beispiel während der Jagd oder bei der Zubereitung von Speisen. In Deutschland wird Wildfleisch bei Direktabgabe an den Endverbraucher im Normalfall keiner Untersuchung durch einen amtlichen Tierarzt unterzogen (LEBENS-MITTELHYGIENEVERORDNUNG, 2007). Die Beurteilung anhand von bedenklichen Merkmalen obliegt in diesem Fall dem Jäger beziehungsweise einer künftigen Person gemäß Anhang III, Abschnitt IV der EU-Verordnung 853/2004 (EUROPÄISCHES PARLAMENT UND RAT, 2004).

Salmonellose, Chlamydiose und Campylobacteriose gelten als die wichtigsten bakteriellen Zoonosen des jagdbaren Federwilds (DEUTZ u. KÖFER, 2000). Erkrankungen durch Salmonellen äußern sich beim Menschen meist als Enteritis, während sich eine durch *Chlamydia psittaci* verursachte Chlamydiose häufig als fieberhafte Lungentzündung manifestiert (CONRATHS et al., 2004; ROBERT KOCH INSTITUT, 2017a). Bei der Campylobacteriose, die in den letzten Jahren zunehmend an Bedeutung gewonnen hat und mit den Symptomen einer akuten Enteritis einhergeht, kommt den Arten *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli* die größte Relevanz zu (ROBERT KOCH INSTITUT, 2017a). *Campylobacter jejuni* gilt auch als ein Auslöser des Guillain-Barré-Syndroms,



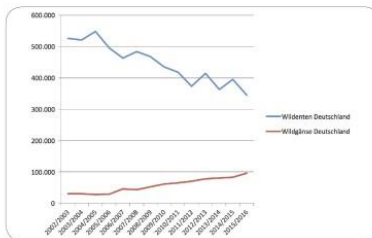


Abb. 1: Entwicklung der Abschusszahlen von Wildenten und Wildgänsen in Deutschland (DEUTSCHER JAGDVERBAND, 2017, persönliche Mitteilung) / Wild ducks and wild geese bagged in Germany (DEUTSCHER JAGDVERBAND, 2017, personal communication)

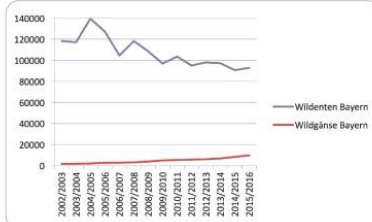


Abb. 2: Entwicklung der Abschusszahlen von Wildenten und Wildgänsen in Bayern (BAYERISCHER JAGDVERBAND E.V., 2017, persönliche Mitteilung) / Wild ducks and wild geese bagged in Bavaria (BAYERISCHER JAGDVERBAND E.V., 2017, personal communication)

einer immun-medierten neurodegenerativen Erkrankung, die zwar nur selten auftritt, aber sehr schwer verlaufen kann (VERORDNUNG ÜBER MELDEPFLICHTIGE TIERKRANKHEITEN, 1983; SKIRROW, 1991, 1994; GLÜNDER u. WEBER, 2000).

Ziel dieser Studie war es, einen Einblick in die Belastung von bayernischem Wildwassergeflügel mit diesen bakteriellen Zoonoseerregern, also mit *Salmonellen*, *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli* und *Chlamydien*, zu gewinnen. Weiterhin sollten Erkenntnisse hinsichtlich einer möglichen Gefährdung des Menschen durch diese humanpathogenen Keime gewonnen und ein Beitrag zur Sicherheit von Lebensmitteln aus jagdbarem Federwild geleistet werden.

## Material und Methoden

### Probenherkunft und Probenentnahme

Im Zeitraum von September 2015 bis Februar 2017 wurden insgesamt 352 Wildwasservögel (15 identifizierte Arten aus 6 zoologischen Ordnungen) aus Bayern, und zwar 320 Vögel im Rahmen von Jagden sowie 32 Vogelpatienten einer Tierklinik, beprobt.

Bei den 320 Vögeln (90,9 %), die während der Jagd erlegt wurden, geschah dies meist im Rahmen von Gesellschaftsjagden mittels Schrotschuss, nur drei Vögel wurden durch Kugelschuss auf der Einzeljagd erlegt. Die Vögel stammten aus Jagden in zehn verschiedenen Landkreisen in Bayern, vor allem aber aus der Region Chiemgau (94 %) mit den Landkreisen Wasserburg, Rosenheim, Traunstein und Bad Aibling (Abb. 3). Es handelte sich bei den erlegten Vögeln um 176 Wildenten, 78 Wildgänse, 49 Blässhühner (*Fulica atra*), 11 Höckererschwanne (*Cygnus olor*), drei Komoranen (*Phalacrocorax carbo*), einen Gänseesäger (*Mergus mergamus*, Fehlabtschuss), eine Lachmöwe (*Chroicocephalus ridibundus*) und einen Graureiher (*Ardea cinerea*).

Von allen erlegten Vögeln wurden Kloakentupfer für die Untersuchungen entnommen. Des Weiteren standen von 58 erlegten Tieren Proben von Leber, Milz und Darm und von zwölf erlegten Vögeln Leber und Darm zur Verfügung. Bei der Entnahme wurden die inneren Organe - unter Zugrundelegung üblicher pathologisch-anatomischer Verfahren - visuell auf Erkrankungsmerkmale untersucht.

Die 32 Wildvogelpatienten (9,1 %, aller einbezogenen Vögel) waren aufgrund von Krankheitserscheinungen oder Trauma in eine Tierklinik eingeliefert worden und verstarben im Laufe ihres Aufenthalts oder wurden aus tierschutzrechtlichen Gründen euthanasiert. Dabei handelte es sich um vier Graugänse (*Anser anser*), zwei Kanadagänse (*Branta canadensis*), drei Gänse nicht dokumentierter Art, drei Stockenten (*Anas platyrhynchos*), eine veredelte Moschusente (*Carina moschata*), eine Mandarinente (*Aix galericulata*), eine Reherente (*Aythya fuligula*), acht Enten nicht dokumentierter Art, ein Blässhuhn und zwei Haubentaucher (*Podiceps cristatus*). Hier wurden Kloakentupfer von insgesamt 41 Vögeln, und zwar von acht Enten, zwei Gänsen und einem Schwan, zum Zeitpunkt der Einlieferung entnommen und den Untersuchungen zugeführt. Des Weiteren kam von allen 32 Vögeln Organmaterial zur Untersuchung, dabei Leber, Milz und Darm bei 29 Tieren, Leber und Darm von 2 Tieren sowie nur Lebermaterial von einem Tier.

### Untersuchungen auf Krankheitserreger

Bei 319 der 352 Vögel stand Material für bakteriologische Untersuchungen auf *Salmonellen* zur Verfügung. PCR-Untersuchungen auf *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli* und *Chlamydia* sp. fanden bei jeweils 351 Tieren statt. Die Zahl der

durchgeführten Untersuchungen sowie das verwendete Probenmaterial nach Tiergruppen sind in Tabelle 1 dargestellt.

Bei allen 320 auf der Jagd erlegten Tieren sowie bei 31 von 32 der in die Tierklinik eingelieferten Wildvögel (96,9 %) wurden PCR-Untersuchungen auf *Campylobacter coli*, *Campylobacter jejuni* und *Chlamydia* sp. durchgeführt (Tabelle 1). Unter den auf der Jagd erlegten Tieren standen von 32 Enten nicht dokumentierter Art, 13 Stockenten, elf Gänse nicht dokumentierter Art, fünf Schweine (*Cygnus* sp.), einem Gänseläger und einem Graureiher sowohl Tupfer- als auch Organproben zur Verfügung. Bei sieben der jagdlich erlegten Gänse kam nur Organmaterial zur Untersuchung und bei 49 Blässhühnern, 95 Enten nicht dokumentierter Art, 30 Stockenten, sechs Krickenten (*Anas crecca*), 37 Gänsen nicht dokumentierter Art, vier Kanadagänsen, 18 Nilgänsen (*Alipochen aegyptiaca*), einer Graugans, drei Kormoranen, sowie sechs Schweinen und einer Lechmöwe kamen lediglich Kloakentupfer zur Untersuchung.

Unter den Kliniktieren wurden bei zwei Gänsen, einem Schwan, einer Mandarinente, einer Stockente und fünf weiteren Enten Tupfer- und Organmaterial mittels PCR-Methoden auf *Campylobacter* sp. und *Chlamydia* untersucht. Bei fünf Schweinen, fünf Enten nicht dokumentierter Art, vier Graugänsen, zwei Gänsen nicht dokumentierter Art, einer Kanadagans, einer Stockente, zwei Haubentauchern und einem Blässhuhn standen dafür lediglich Kloakentupfer zur Verfügung. Kloakenabstriche wurden mit sterilen Stabtipfern mit Schraubverschluss entnommen. Die Organproben wurden nach Abschluss der Jagd am selben Tag vor Ort entnommen, nach Tieren getrennt in Gefrierbeuteln verpackt und verschlossen. Anschließend wurden die Proben gekühlt in das Labor verbracht und die Kloakentupfer sowie die Organproben jeweils mit einer sterilen Schere in 2 Hälften geteilt. Eine Hälfte wurde im Durchschnitt 1,6 Tage und maximal sieben Tage nach der Entnahme auf Salmonellen untersucht. Die andere Hälfte der Kloakentupfer sowie die Organproben wurden bis zur molekularbiologischen Untersuchung bei -20 °C gelagert.

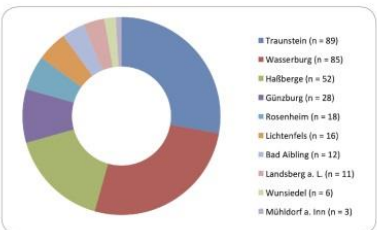


Abb. 3: Verteilung der in die Studie einbezogenen Wasservögel auf Landkreise / Waterfowl included in the study assigned to district

Salmonellen-Nachweis

Kloakentupfer sowie Poolproben der Organe (je nach Verfügbarkeit aus Leber, Milz und/oder Darm) wurden jeweils für 18±2 Stunden bei 37 °C in gepuffertem Peptonwasser inkubiert. Die Salmonellenselektivanreicherung erfolgte nach DIN EN ISO 6579-1:2017 (INTERNATIONAL ORGANIZATION OF STANDARDIZATION, 2017) unter Verwendung von flüssiger und halbfester Rappaport-Vesiliade-Bouillon. Nach Austrich auf Xylose-Lysin-Desoxycholat-Agar sowie Brilliance® Salmonella Medium und Bebrütung wurden Kolonien mit Salmonellen-typischer Morphologie mittels Urease-Test sowie Objektträgerschnellagglutination mittels Einsatz von Anti-Salmonella-Antikörpern (Einzelantiseren Anti Salmonella O:1, O:4, O:5, O:7, O:9, O:14, H:1, H:2) untersucht sowie ein biochemisches Profil erstellt (API®). Die Spezies-Differenzierung von positiv reagierenden Kolonien erfolgte durch das Nationale Referenzlabor zur Durchführung von Analysen und Tests auf Zoonosen (Salmonellen) – NRL-Salm am Bundesinstitut für Risikobewertung in Berlin.

Tab. 1: Übersicht über die bei den einzelnen Vogelgruppen durchgeführten Untersuchungen / Examinations for the various groups of birds

Untersuchte Erreger		Salmonella sp.			Campylobacter jejuni, Campylobacter coli			Chlamydia sp.		
		K	O	K&O	K	O	K&O	K	O	K&O
Zahl untersuchter Vögel	Untersuchungsmaterial									
	Enten	122	0	39	131	0	45	131	0	45
	Jagd Gänse	55	7	11	60	7	11	60	7	11
	sonstige	58	0	6	59	0	7	59	0	7
	Klinik Enten	0	5	2	0	6	8	0	6	8
	Klinik Gänse	0	7	0	0	6	2	0	6	2
	sonstige	0	6	1	0	8	1	0	8	1
Summe untersuchter Vögel		235	25	59	250	27	74	250	27	74

K: nur Kloakentupfer; O: nur Organproben; K&O: Kloakentupfer und Organproben

K: cloacal swabs only; O: inner organs tested; K&O: cloacal swabs and inner organs tested

#### Molekularbiologische Untersuchungen auf *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli* und *Chlamydia* sp.

DNA-Extraktionen aus Kloakentupfern und Organproben erfolgten mittels DNaseasy® Blood and Tissue Kit nach Angaben des Herstellers. Organmaterial wurde hierbei mindestens drei Stunden bei 67 °C lysiert. Zum Nachweis von DNA von *Campylobacter coli*, *Campylobacter jejuni* und *Chlamydia* sp. wurden Real-Time-PCR-Untersuchungen nach bereits veröffentlichten Protokollen (EHRICHT et al., 2006; LELAND-MARIDOR et al., 2011) mit einer von 40 auf 45 erhöhten Zykluszahl und dem Gerät Mx3000P durchgeführt. Die erhaltenen Fluoreszenz-Signale wurden mit der Software MxPro™ analysiert. Reaktionen wurden als positiv bewertet, wenn die Kurven eine sigmoidale Form aufwiesen und die Fluoreszenzwerte den vom Programm errechneten Grenzwert überschritten. Bei positivem Chlamydien-Nachweis wurde DNA zur Speziesbestimmung an das Nationale Referenzlabor für Chlamydiose und OIE-Referenzlabor für Chlamydieninfektionen der Vögel und Schafe am Friedrich-Loeffler-Institut (Jena) übersandt. Dort wurde bei Proben, die in einer Chlamydiaceae-Real-Time-PCR einen „cycle threshold“ (Ct)-Wert unter 30 erreichten, eine Speziesbestimmung mittels spezifischen Real-Time-PCR-Verfahren und Sequenzierung von Fragmenten des 16S-rRNA-Gens, der ITS-Region und des ompA-Gens durchgeführt.

Eine statistische Analyse der Ergebnisse erfolgte mittels Chi-Quadrat-Test. Zur Berechnung wurde das Programm SPSS Version 22 verwendet.

#### Bezugsquellenachweis:

API® bioMérieux, Marcy l'Etoile, Frankreich; Brilliance® Salmonella Medium, Oxoid, Thermo Fisher Scientific, Wessel, Deutschland; DNaseasy® Blood and Tissue Kit, Qiagen, Hilden, Deutschland; Einzelfaktorsatz Anti-Salmonella O:1, O:4, O:5, O:7, O:9, O:14, H:1, H:2, Sifin diagnostics GmbH, Berlin, Deutschland; Geflügeltes Peptonwasser, Becton Dickinson, Heidelberg, Deutschland; Stabupfänger mit Schraubverschluss, Henry Schein, Hamburg, Deutschland; Software MxPro™, Agilent Technologies, Santa Clara, USA; Software SPSS Version 22, IBM, Armonk, USA; Thermocycler Mx3000P, Agilent Technologies, Santa Clara, USA; Xylose-Lysin-Desoxycholat-Agar, Oxoid, Thermo Fisher Scientific, Wessel, Deutschland.

## ■ Ergebnisse

### Befunde bei auf der Jagd erlegten Tieren

#### Salmonellennachweise

Salmonellen wurden bei einem von 298 erlegten Wildvögeln (0,3 %) festgestellt. Der Nachweis erfolgte bei einer Ente, folglich wurde bei 0,6 % der 161 untersuchten Enten ein Salmonellennachweis erbracht. Die Differenzierung ergab *Salmonella enterica* ssp. *enterica* serovar Enteritidis mit der Seroformel (1,9,12:g,m,-). Hierbei handelte es sich um das einzige Tier der Studie, bei dem grobsinnliche Veränderungen der Organe festgestellt werden konnten. Festgestellt wurden weißliche, erhabene Herde auf der Leber sowie eine Farbveränderung der Milz, die sich in einem sehr blassen, transparent erscheinenden Fleischfarbton darstellte. Der Salmonellennachweis erfolgte nur aus Organmaterial dieses Vogels, während aus dem zugehörigen Kloakentupfer keine Salmonellen isoliert wurden. Allerdings wurde im Kloakentupfermaterial dieser Ente Chlamydien-DNA nachgewiesen. Es handelt sich

dabei um das einzige Tier der Studie, für das positive Befunde unterschiedlicher Keime vorlagen.

#### Nachweise von *Campylobacter* sp.

Bei 30 von 320 untersuchten Tieren (9,4 %) wurde DNA von *Campylobacter jejuni* nachgewiesen. DNA von *Campylobacter coli* wurde bei keinem der 320 Vögel festgestellt.

Bei 21 der 30 jagdlich erlegten Vögel mit Nachweis von *Campylobacter jejuni* handelte es sich um Enten, somit waren 11,9 % der 176 einbezogenen Enten positiv. Der DNA-Nachweis erfolgte bei acht Enten sowohl aus Organen als auch aus Kloakentupfern, bei acht Tieren nur aus Tupfermaterial und bei fünf Enten nur aus Organmaterial.

Bei acht von 78 untersuchten Gänsen (10,3 %) wurde *Campylobacter jejuni*-DNA festgestellt, und zwar bei fünf Tieren nur aus Kloakentupfern und bei weiteren drei Tieren nur aus Organmaterial.

Bei einem weiteren Vogel mit positivem DNA-Nachweis handelte es sich um einen der elf untersuchten Höckerschwäne (9 %), und der Nachweis erfolgte aus dem Kloakentupfer. Es kam kein Organmaterial dieses Tieres zur Untersuchung.

#### Nachweise von *Chlamydia* sp.

Bei vier von 320 einbezogenen Vögeln (1,3 %) wurde Chlamydien-DNA nachgewiesen. Darunter befanden sich drei von 176 (1,7 %) untersuchten Enten. Bei einer von ihnen erfolgte der Nachweis aus Tupfer- und bei zwei Enten aus Organmaterial. Für eine Artbestimmung reichte die in den Proben vorhandene Menge an Chlamydien-DNA nicht aus. Wie bereits erwähnt, wurden bei der Tupfer-positiven Ente in den Organen auch Salmonellen nachgewiesen.

Bei Betrachtung der 78 einbezogenen Wildgänse ergab sich bei einer Gans (1,3 %) ein Nachweis von Chlamydien-DNA, und zwar aus Tupfermaterial. Bei der Sequenzierung des 16S-rRNA-Genfragments und der ITS-Region zeigte sich eine 99%ige Übereinstimmung mit *Chlamydia abortus* Genotyp G2. Eine Amplifikation des ompA-Gens war nicht erfolgreich.

### Befunde bei Klinikpatienten

#### Salmonellennachweise

Bei keinem der 32 untersuchten Wildvogelpatienten wurden Salmonellen nachgewiesen.

#### Nachweise von *Campylobacter* sp.

DNA von *Campylobacter coli* wurde bei den 31 darauf untersuchten Tieren ebenfalls nicht festgestellt, während *Campylobacter jejuni* bei zwei Enten (6,3 %) nachgewiesen wurde, und zwar bei einer Ente aus Tupfer- und Organmaterial, bei einer anderen nur aus Organmaterial.

#### Nachweise von *Chlamydia* sp.

Der Nachweis von Chlamydien-DNA wurde bei zwei von 14 untersuchten Enten (14,3 %) und einem von sechs untersuchten Schwänen (16,7 %) erbracht. Das entspricht insgesamt einer Nachweisrate von 9,7 %. Bei einer Ente nicht dokumentierter Art wurde Chlamydien-DNA in Tupfer-, bei einer Reiherente in Organmaterial und bei dem Schwan sowohl im Kloakentupfer als auch in Organproben nachgewiesen.

Eine artliche Differenzierung der Chlamydien war nur bei Material aus der Ente, für die die Art nicht dokumentiert worden war, erfolgreich. Mittels Sequenzierung des 16S-rRNA-Genfragmentes, der ITS-Region und des ompA-Gens wurde die höchste Übereinstimmung (99 %) mit *Chlamydia abortus* Genotyp G2 festgestellt.

Bei Vergleich der Untersuchungsergebnisse der auf der Jagd erlegten Tiere mit denen der Kliniktiere ergab sich, dass Chlamydien signifikant häufiger bei Kliniktieren (9,7 %, KI95: 3,9–22,1 %) als bei auf der Jagd erlegten Vögeln (1,3 %, KI95: 0,4–2,6 %,  $p < 0,001$ ) nachgewiesen wurden. Alle Untersuchungsergebnisse sind in Tabelle 2 nach Tiergruppen sortiert dargestellt.

### ■ Diskussion

In dieser Studie sollte die Belastung von Wildwassergeflügel mit humanpathogenen Keimen untersucht werden, um Erkenntnisse darüber zu erlangen, ob vor dem Hintergrund der aktuellen Problematik des massierten Auftretens von Wildgänsen auf Land-

wirtschafts- und Liegeflächen eine potentielle Gefahr unter anderem durch Kontamination von für den menschlichen Verzehr bestimmten Pflanzen ausgeht. Der Fokus lag dabei auf Salmonellen und *Campylobacter*, also auf den in der EU und in Deutschland am häufigsten über Lebensmittel übertragenen bakteriellen Erregern (BUNDESINSTITUT FÜR RISIKOBEWERTUNG, 2015), sowie auf Chlamydien, die regelmäßig bei Wildvögeln nachgewiesen werden und auch Arten mit zoonotischem Potential beinhalten. Zusammen stellen sie die wichtigsten bakteriellen Zoonosen des jagdbaren Federwildes dar (DEUTZ u. KÖFER, 2000). Insgesamt wurden 352 Vögel auf das Vorkommen von Salmonellen, *Campylobacter* sp. und *Chlamydia* sp. untersucht. Die Gesamtprobenzahl kann keinen Rückschluss auf die bayerische Wasservogelpopulation im Sinne von exakten Prävalenzschätzungen liefern. Die Studie wurde als Übersichtstudie geplant, die einen ersten Eindruck von der Belastung des wildlebenden bayerischen Wassergeflügels mit diesen zoonotischen Erregern liefern sollte.

Bei der vorliegenden Untersuchung wurden 320 bei der Jagd erlegte Wildvögel einbezogen. Die Herkunft dieser Proben aus den bayerischen Landkreisen zeigt eine deutliche Fokussierung auf die Landkreise um den Chiemsee – 54,1 % der Proben stammten von dort. Wasserreiche Gebiete wie die Chiemsee-Region bilden als Zwischenstationen oder auch Überwinterungsgebiete Ballungszentren für Wildvögel, wie in Abbildung 4 dargestellt. Speziell im Herbst und Winter ist hier von einem hohen Aufkommen von

Tab. 2: Nachweisraten von *Salmonella* sp., *Campylobacter* sp. und *Chlamydia* sp. bei den untersuchten Vogelgruppen / Rates of detection of *Salmonella*, *Campylobacter* sp. and *Chlamydia* sp. in the bird groups examined

Untersuchte Vogelgruppe	Salmonella sp. <sup>1</sup>	Campylobacter jejuni <sup>1</sup>	Campylobacter coli <sup>1</sup>	Chlamydia sp. <sup>1</sup>	
Jagd	Enten	1/161 (0,62 %)	21/176 (11,93 %)	0/176 (0 %)	3/176 (1,7 %)
	Gänse	0/73 (0 %)	8/78 (10,26 %)	0/78 (0 %)	1/78 (1,28 %)
	Schwäne	0/10 (0 %)	1/11 (9,09 %)	0/11 (0 %)	0/11 (0 %)
	Sonstige	0/54 (0 %)	0/55 (0 %)	0/55 (0 %)	0/55 (0 %)
	Zw. Summe	1/298 (0,34 %)	30/320 (9,38 %)	0/320 (0 %)	4/320 (1,25 %)
Klinik	Enten	0/7 (0 %)	2/14 (14,29 %)	0/14 (0 %)	2/14 (14,29 %)
	Gänse	0/7 (0 %)	0/8 (0 %)	0/8 (0 %)	0/8 (0 %)
	Schwäne	0/4 (0 %)	0/6 (0 %)	0/6 (0 %)	1/6 (16,67 %)
	Sonstige	0/3 (0 %)	0/3 (0 %)	0/3 (0 %)	0/3 (0 %)
	Zw. Summe	0/21 (0 %)	2/31 (6,45 %)	0/31 (0 %)	3/31 (9,68 %)
Gesamt	1/319 (0,31 %)	32/351 (9,12 %)	0/351 (0 %)	7/351 (1,99 %)	

<sup>1</sup>positive/untersuchte Tiere; in Klammer Anteil in %

<sup>1</sup>positive/tested animals; % in brackets

Wassergeflügel und Ansammlungen von Tieren aus einem weiteren Umkreis zu rechnen, was auch eine verstärkte Bejagung zur Folge hat. Daher erschien eine Fokussierung auf dieses Gebiet sinnvoll. Es handelt sich bei den erlegten Tieren mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht nur um dort dauerhaft lebende Tiere, sondern um eine gemischte Population aus standorttreuen und teilziehenden Vögeln, so dass die erhobenen Daten überregionale Relevanz besitzen können.

Während davon auszugehen ist, dass es sich bei den 320 jagdlich erlegten Vögeln um klinisch gesunde Tiere handelte, sind die 32 Klinikpatienten als erkrankt anzusehen. Die Tiere beider Gruppen wurden somit nach unterschiedlichen Kriterien selektiert und sind nicht direkt miteinander vergleichbar. Die Untersuchungsergebnisse wurden daher für die beiden Vogelgruppen getrennt bewertet. Die geringe Zahl an Klinikpatienten lässt eine Verallgemeinerung der hier gewonnenen Ergebnisse aber sicherlich nur eingeschränkt zu.

Bei den erlegten Vögeln wurde in der vorliegenden Studie *Campylobacter jejuni* mit 9,4 % am häufigsten nachgewiesen. Hingegen wurden *Salmonella* sp. mit 0,3 % und *Chlamydia* sp. mit 1,3 % nur bei wenigen Vögeln aus der Jagd festgestellt.

Bei den Wildwassergeflügel-Patienten lag die Nachweisrate von 6,3 % für *Campylobacter jejuni* in einer ähnlichen Höhe wie bei den erlegten Vögeln, während *Chlamydia* sp. mit 9,7 % signifikant häufiger bei den Vögeln aus der Klinik festgestellt wurde. Weitere Untersuchungen unter Einbeziehung größerer Tierpatientenzahlen müssen abklären, ob die Befallsraten bei Wildvogelpatienten tatsächlich allgemein so hoch sind.

#### Salmonellen

Erkrankungen von Menschen durch Enteritis-erregende Salmonellen sind zwar in den letzten Jahren nach den gemeldeten Zahlen der Fälle und Ausbrüche rückläufig (BUNDESINSTITUT FÜR RISIKOBEWERTUNG, 2015). Salmonellen spielen aber in Deutschland immer noch eine große Rolle. Im Jahr 2016 wurden 12.962 Fälle gemeldet, wobei nach Schätzungen die

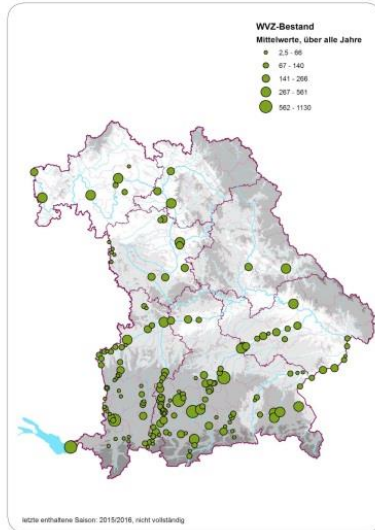


Abb. 4: Geographische Verteilung der Standorte mit dem höchsten Wasservogelaufkommen in Bayern (GÖRGE, 2018) / Geographic distribution of locations in Bavaria with the highest numbers of wildfowl (GÖRGE, 2018)

Dunkelziffer hoch ist und lediglich 10–20 % der Fälle dieser meldepflichtigen Erkrankung erfasst worden (CONRATHS et al., 2004; ROBERT KOCH INSTITUT, 2017a). Beim Wirtschaftsgeflügel spielen Gänse und Enten als Salmonellenreservoir eine große Rolle. So wurden im Jahr 2014 bei Gänsefleisch in 16 % der im Rahmen des Zoonosenmonitorings untersuchten Proben und bei Entenfleisch in 6 % der Proben Salmonellen nachgewiesen (HARTUNG et al., 2016). Die Nachweise bei Wildvögeln sind demgegenüber meist niedriger, auch wenn berichtet wurde, dass Salmonellen bei gesellig lebenden Wildvögeln in großem Maß an Wintersterblichkeit und Jungtierverlusten in Brutkolonien beteiligt sind (STEININGER, 1967; DEDIE et al., 1993). Für die Beurteilung des

zoologischen Potentials von Salmonellen ist anzumerken, dass die meisten Stämme nicht wirtsadaptiert sind (DEDIÉ et al., 1993). Für das Serovar Gallinarum-Pullorum von *Salmonella enterica enterica* hingegen ist eine Tieradaptation für Sperlinge, Wildenten und Fasane bekannt (DEDIÉ et al., 1993). Grundsätzlich muss, wenn Informationen über eine Wirtsadaptation fehlen, jedes Salmonellenisolat als potenziell humanpathogen betrachtet werden (ROLLE et al., 1984; FUCHS, 2014).

In der vorliegenden Studie wurden Salmonellen, und zwar *Salmonella enterica* ssp. *enterica* Serovar Enteritidis mit der Seroformel (1),9,12:g,m:-, lediglich bei einer Wildente und damit sehr selten nachgewiesen. Die entsprechende Nachweisrate von bei der Jagd erlegten Wildwasservögeln betrug nur 0,3 %. Mit einem Anteil von ca. 60 % aller an das Robert-Koch-Institut übermittelten Salmonellen ist es mit Abstand das am häufigsten nachgewiesene Serovar in Deutschland (ROBERT KOCH INSTITUT, 2017b). Es ist nicht wirtsadaptiert, vielmehr ist sein breites Infektionsspektrum bekannt (FOLEY et al., 2008).

Diese niedrige Infektionsrate entspricht Ergebnissen vergangener Studien in Deutschland, der Schweiz, Norwegen und Österreich (KAPPERUD u. ROSEF, 1983; DEUTZ et al., 1999; BACKHUS, 2000; LILLEHAUG et al., 2005; SPALLINGER et al., 2005; JAWOREK, 2012; ALBINI et al., 2014). In Kotproben von 222 Graugänsen im Englischen Garten in München wurden Salmonellen nach Anwendung eines Anreicherungsverfahrens gar nicht nachgewiesen (JAWOREK, 2012). Auch wenn gelegentlich die Bedeutung von Nutz-, Heim- und Wildgeflügel als Salmonellenreservoir als sehr hoch eingeschätzt wird (DEDIÉ et al., 1993) und in vielen Stadtparks und an Stränden Wildgänse leben, konnten bislang keine Salmonellenausbrüche bei Menschen, Nutztieren oder Hausgeflügel direkt auf wildelebende Gänse, Schwäne oder deren Ausscheidungen zurückgeführt werden (ELMBERG et al., 2017). Der einzelne Nachweis in dieser Studie stützt zumindest in Bezug auf wildelebendes Wassergeflügel die Auffassung, dass jagdbares Wildvögel eher eine untergeordnete Bedeutung zukommt (BECKER et al., 1992).

#### **Campylobacter**

In den letzten Jahren gewinnt die Campylobakteriose mehr und mehr an Bedeutung. Im Jahr 2016 wurden in Deutschland 73.999 Fälle und 477 Ausbrüche gemeldet (ROBERT KOCH INSTITUT, 2017a). Seit mehreren Jahren stellt die Campylobakteriose die häufigste durch Lebensmittel übertragbare Krankheit in der EU dar (BUNDESINSTITUT FÜR RISIKOBEWERTUNG, 2015). Den Arten *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli* kommt dabei die größte Bedeutung zu (ROBERT KOCH INSTITUT, 2017a). Die meisten Infektionen des Menschen mit *Campylobacter* wurden auf Wasser, Rohmilch und Verzehr von Geflügel

zurückgeführt (DEDIÉ et al., 1993; ALTEKRUSE et al., 1999; FROST, 2001; KIST, 2002). Auch wenn thermophile *Campylobacter*-Spezies als Kommensalen im Darmtrakt vieler Wild-, Nutz- und Haustiere vorkommen, sind sie mit ihrer optimalen Wachstumstemperatur von 42 °C besonders an Vögel adaptiert (CONRATHS et al., 2004).

In der vorliegenden Studie wurde *Campylobacter jejuni* mittels Real-Time-PCR bei 23 Enten, acht Gänsen sowie einem Schwan nachgewiesen. Die Gesamtnachweisrate von 9,4 % bei erlegten Tieren (11,9 % bei Enten, 10,3 % bei Gänsen sowie 9,1 % bei Schwänen) ist deutlich höher als für die anderen Erreger dieser Studie. Bei Vergleich mit anderen europäischen Ländern liegt die hier ermittelte Nachweisrate im mittleren Bereich der zwischen 0 % und 50 % variierenden Werte. Allerdings wurden in den einzelnen Studien in Europa sehr unterschiedliche Nachweismethoden angewandt. Dies erschwert einen direkten Vergleich der Ergebnisse. In der bislang einzigen Studie bei wildelebendem Wassergeflügel in Bayern, die wurde im Englischen Garten in München durchgeführt, wurde *Campylobacter jejuni* mit einer Prävalenz von 10,8 % in 222 Graugänsekotproben nachgewiesen (JAWOREK, 2012). Als Methoden wurden die Anreicherung, Anzüchtung auf Selektivmedien und Bestätigung im MALDI-TOF angewendet.

Weitere Studien innerhalb und außerhalb von Europa, die prinzipiell auf der Anzucht auf Selektivnährböden, gefolgt von phänotypischer und/oder molekularbiologischer Charakterisierung der angezüchteten Keime basierten, auch wenn sich die angewendeten Methoden im Detail unterscheiden können, führten zu sehr unterschiedlichen Schätzungen der Prävalenz von *Campylobacter* bei Wassergeflügel. In einigen Studien wurden diese Erreger gar nicht oder nur vereinzelt bei Wasservögeln festgestellt (FEARE et al., 1999; WALDENSTRÖM et al., 2002; LILLEHAUG et al., 2005; HUGHES et al., 2009). Bei Betrachtung der Situation in außereuropäischen Ländern ergaben sich Nachweisraten in ähnlicher Höhe wie in der vorliegenden Untersuchung, so beispielsweise in den USA für das Jahr 2014 (Prävalenz von *Campylobacter* sp. bei 781 untersuchten Vögeln 9,2 %, von *Campylobacter jejuni* 8,1 % und von *Campylobacter coli* 1,4 %; KELLER u. SHRIVER, 2014) sowie in Südkorea für 2017 (15,3 % Nachweisrate für *Campylobacter* bzw. 252/1642; KWON et al., 2017). Auch in der südkoreanischen Studie wurde *Campylobacter jejuni* am häufigsten nachgewiesen (79,3 % der *Campylobacter*-Isolate), gefolgt von *Campylobacter coli* (9,3 %; KWON et al., 2017). Bei Studien aus Österreich, den USA, Neuseeland und England ergaben sich deutlich höhere Nachweisraten von 20–50 % für Wildwassergeflügel, die die Werte der vorliegenden Untersuchung deutlich überstiegen (LUECHTEFELD et al., 1980; DEUTZ et al., 1999; COLLES et al., 2008; MOHAN et al., 2013; MOHAN, 2015).



Für die Untersuchung der Bedeutung von Wildvögeln bei der Epidemiologie des Erregers und zur Aufklärung von Infektionsketten wurden in der letzten Zeit vermehrt Multi-Lokus-Sequenz-Typisierungen zur genaueren Charakterisierung von *Campylobacter*-Stämmen durchgeführt (KELLER u. SHRIVER, 2014). Generell ergab sich aus diesen Studien, dass die bei Mensch und Wirtschaftsgeflügel vorkommenden Isolate untereinander relativ ähnlich waren, also von einer Übertragung von Wirtschaftsgeflügel auf den Menschen ausgegangen werden kann, während sich die Stämme aus Wildwasservögeln relativ deutlich abgrenzten (NADEAU et al., 2002; COLLES et al., 2008; HUGHES et al., 2009; SHEPPARD et al., 2011; CODY et al., 2015). Eine Studie kam dabei zu der Schätzung, dass lediglich 2,1–3,5 % der menschlichen *Campylobacter*-Fälle in England zwischen 2003 und 2013 auf Wildvögel zurückzuführen sind (CODY et al., 2015).

#### Chlamydien

Bei der Chlamydiose handelt es sich um eine durch den Erreger *Chlamydia psittaci* bedingte Zoonose, die in Deutschland meldepflichtig ist (ROBERT KOCH INSTITUT, 2017a). In Deutschland wurden in den Jahren 2013–2016 jeweils neun bis zehn Chlamydiosetfälle gemeldet (ROBERT KOCH INSTITUT, 2014, 2015, 2016, 2017a). Als mögliche Infektionsquellen wurden in den amtlichen Meldungen in Deutschland in den letzten Jahren bei zwei der 38 Fälle Wildvögel genannt. Bisher existieren jedoch kaum Daten, die die tatsächlichen Infektionsquellen für den Menschen belegen. Fälle, die aber zumindest sehr wahrscheinlich auf Wildvögel zurückzuführen waren, wurden auf den Färöer Inseln, in Australien und in Schweden dokumentiert (TELFER et al., 2005; HEFFMANN et al., 2006; REHN et al., 2013).

Die Nachweisraten von *Chlamydia* spp. bei 1,7 % der Enten, bei 1,3 % der Gänse und bei 1,3 % aller untersuchten Wildwasservögel in der vorliegenden Studie entsprechen den Ergebnissen einer Studie aus Schweden (BLOMQVIST et al., 2012). Höhere Prävalenzen von 4,2–19,7 % wurden bei Wildwasservögeln unbekannten Gesundheitszustandes in Polen festgestellt (KRAWIEC et al., 2015; SZYMANSKA-CZERWINSKA et al., 2017).

Bemerkenswert ist, dass in der vorliegenden Studie die Nachweisrate bei den Wildwasservogelpatienten mit 9,7 % deutlich höher war als bei den jagdlich erlegten Wildwasservögeln mit 1,3 %. Die Betrachtung der Klinikiere legt nahe, dass die Traumata oder Verletzungen, aufgrund welcher die Tiere meist eingeliefert wurden, möglicherweise durch Vorerkrankungen begünstigt wurden. Chlamydien stellen hier eine mögliche Ursache dar. Auch in Frankreich wurde bei 195 verletzten oder erkrankten Seevögeln eine sehr hohe Befallrate von 18,5 % festgestellt (AAZIZ et al., 2015).

Trotz der teilweise hohen Nachweisraten stützt eine Untersuchung aus Dänemark die Auffassung,

dass Wildwassergeflügel keine große Bedeutung als Erregerreservoir für Infektionen des Menschen zukommt. Als Hauptinfektionsquellen des Menschen wurden dort Papageien und Kanarien vor Tauben, Haus-Hühnern und Haus-Enten identifiziert (OTTO et al., 2002). Es existieren bisher auch keine Belege dafür, dass Wildgänse, auch wenn sie Chlamydien beherbergen können, eine relevante Infektionsquelle für Wirtschaftsgeflügel, Vieh oder Menschen darstellen (ELMBERG et al., 2017).

Für Deutschland gibt es nach unserem Kenntnisstand bislang keinen sicheren Beleg für eine Infektion des Menschen über Wildwassergeflügel. Hier wurden Erkrankungen beim Menschen zu 50–80 % auf Ziervögel zurückgeführt (ROLLE et al., 1984; DEDIE et al., 1993). Das Robert-Koch-Institut geht davon aus, dass wie in Dänemark auch in Deutschland Psittaziden die Hauptüberträger auf den Menschen darstellen (ROBERT KOCH INSTITUT, 2007). Die durchschnittliche Nachweisrate von Chlamydien bei diesen Ziervögeln lag in einer Studie in Deutschland aus dem Jahr 2002 bei 5,2 % (ALBICKER-RIPPINGER u. HOOP, 1999; MOMMER, 2002). Welche der nach der aktuellen Taxonomie (WHITMAN, 2015) unterschiedenen Chlamydienarten beteiligt waren, ist jedoch unklar.

Verkompliziert wird die Beurteilung der Risikolage auch durch neuere Erkenntnisse zum Erregerspektrum bei Vögeln. Entgegen der früheren Annahme, dass Vögel lediglich die Spezies *Chlamydia psittaci* beherbergen können, zeigen aktuelle Forschungsarbeiten, dass bei Vögeln auch neu klassifizierte Arten, und zwar *Chlamydia avium*, *Chlamydia gallinacea* und *Candidatus Chlamydia ibidis* vorkommen (SACHSE et al., 2015). Zusätzlich können auch Arten, die bislang bei anderen Wirten bekannt waren, wie *Chlamydia abortus*, *Chlamydia pecorum*, *Chlamydia trachomatis*, *Chlamydia suis* und *Chlamydia muridarum* beim Vogel nachgewiesen werden (PANTICHEV et al., 2009; SACHSE et al., 2012; GUO et al., 2016; SZYMANSKA-CZERWINSKA et al., 2017). Das humanpathogene Potenzial dieser Chlamydienarten ist in einigen Fällen belegt, jedoch nicht für alle Arten geklärt (STEPHENS et al., 1998; PANTICHEV et al., 2009; PUYSELEYR et al., 2014). Zudem sind virulenzsteuernde Mechanismen für die einzelnen Chlamydienarten noch nicht bekannt (DEDIE et al., 1993).

Der in der vorliegenden Studie bei einer als Wildvogelpatient untersuchten Ente sowie bei einer erlegten Gans festgestellte Genotyp *Chlamydia abortus* G2 war bislang in Deutschland nicht bekannt. Es handelt sich somit also um den Erstnachweis dieses Erregers für Deutschland bei Wildvögeln. Er wurde 2012 zum ersten Mal bei Wildvögeln in Schweden, vorwiegend bei Enten nachgewiesen (BLOMQVIST et al., 2012). Außerdem konnte das Vorkommen in Polen nachgewiesen werden; dort wurde *Chlamydia abortus* G2 in einer Wildvogel-Studie als der dominierende Chlamydientyp identifiziert und bei insgesamt 41

von 83 (49,4 %) Chlamydiaceae-Stamm-Sequenzen und bei 40 von 69 Stammsequenzen aus Entenvögeln (58,0 %) nachgewiesen (SZYMANSKA-CZERWINSKA et al., 2017). Die Humanpathogenität dieses Erregers ist derzeit noch unbekannt. Die in der vorliegenden Studie bei weiteren fünf Vögeln nachgewiesenen Chlamydien konnten nicht artlich differenziert werden, unter anderem, weil die Menge an Chlamydien-DNA für eine Speziesbestimmung nicht ausreichend war.

## Schlussfolgerung

Insgesamt lässt sich aus den Ergebnissen der vorliegenden Studie eine Einschätzung dahingehend begründen, dass der direkte Umgang mit oder der Konsum von Federwild sowie speziell von Wildenten eine „geringe“ bis „nicht zu vernachlässigende“ Infektionsgefahr des Menschen mit *Salmonella* sp., *Campylobacter jejuni* und *Chlamydia* sp. in sich birgt. Sie stützt damit die Ergebnisse einer Risikoanalyse in Großbritannien (COBURN et al., 2005).

## Fazit für die Praxis:

Im Sinne des Verbraucherschutzes soll diese Studie einen ersten Einblick in die Belastung des bayerischen Wasservilds mit Salmonellen, *Campylobacter* und Chlamydien und eine erste Risikoabschätzung liefern. Die relativ seltenen Nachweise von humanpathogenen Keimen in bayerischem Wildwassergeflügel lassen auf ein geringes Risiko schließen, rechtfertigen jedoch Präventionsmaßnahmen wie die sorgfältige Organbeurteilung beim Auswerfen (Ausweiden) von Seilen der Jäger sowie die Einhaltung küchenhygienischer Standards durch die Verbraucher wie vollständiges Durchgaren des Fleisches und Maßnahmen zur Vermeidung von Kreuzkontaminationen durch Rohprodukte. Aus diesem Grunde erscheinen Fortbildungsmaßnahmen für Jäger zur Erkennung von Krankheitserscheinungen am jagdbaren Wild sowie als Sicherheitsmaßnahme zur Vermeidung der Übertragung von Infektionskrankheiten von Wildbret des jagdbaren Federwildes auf den Menschen sehr wünschenswert. Ein entsprechender interaktiver Leitfaden für Jäger und andere assoziierte Gruppen ist daher in Vorbereitung (FOHRMANN und KORBEL, in Vorbereitung).

## Literatur

- AAZIZ, R., GOURLAY, P., VORIMORE, F., SACHSE, K., SIARKOU, V.I., LAROUCAU, K. (2015): Chlamydiaceae in North Atlantic Seabirds Admitted to a Wildlife Rescue Center in Western France. *Appl Environ Microb* 81, 4581–4590. doi: 10.1128/AEM.00778-15.
- ALBICKER-RIPPINGER, P., HOOP, R.K. (1998): Krankheitsursachen bei Papageienvögeln (Psittaciformes) und Springvögeln (Passeriformes). Eine Sektionsstatistik. *Tierärztl Prax* 27, 245–254.
- ALBINI, S., KONRAD, L., SIGRIST, B., GÜTTINGER, R., KELLER, R., HOOP, R.K. (2014): Shedding of zoonotic pathogens and analysis of stomach contents in great cormorants (*Phalacrocorax carbo sinensis*) from Switzerland between 2007 and 2012. *Schweiz Arch Tierh* 156, 389–394. doi: 10.1024/0036-7281a000611.
- ALTERKRUSE, S.F., STERN, N.J., FIELDS, P.I., SWERDLOW, D.L. (1999): *Campylobacter jejuni* – An emerging foodborne pathogen. *Emerg Infect Dis* 5, 28–35. doi: 10.3201/eid0501.990104.
- BACKHUS, R. (2000): Hygienestatus frisch erlegter Fasane (*Phasianus colchicus*, *Ph. torquatus*, *Ph. mongolicus*, *Ph. versicolor*) aus verschiedenen Revieren in Deutschland. Dissertation, Tierärztliche Hochschule Hannover.
- BECKER, W., MENK, W., BAUER, K. (Hrsg.) (1992): Zoonosen-Fibel. Zwischen Tier und Mensch übertragbare Krankheiten. 3. Aufl. Hoffmann, Berlin.
- BLOKHOVIST, M., CHRISTERSON, L., WALDENSTRÖM, J., HERRMANN, B., OLSEN, B. (2012): Chlamydia *psittaci* in Swedish Wetland Birds: A Risk to Zoonotic Infection? *Avian Dis* 56, 737–740.
- BUNDESINSTITUT FÜR RISIKOBEWERTUNG (2015): EU-Zoonosenbericht: Zahl der Campylobacteriose-Fälle unverändert hoch, weitere Zunahme bei Listerien. Mitteilung Nr. 004/2015 des BfR vom 17. Februar 2015.
- COBURN, H.L., SNARY, E.L., KELLY, L.A., WOOLDRIDGE, M. (2005): Qualitative risk assessment of the hazards and risks from wild game. *Vet Rec* 157, 321–322. doi: 10.1136/vr.157.11.321.
- CODY, A.J., MCCARTHY, N.D., BRAY, J.E., WIMALARATHNA, H.M.L., COLLES, F.M., VAN JANSEN RENSBURG, M.J., DINGLE, K.E., WALDENSTRÖM, J., MAIDEN, M.C.J. (2015): Wild bird-associated *Campylobacter jejuni* isolates are a consistent source of human disease, in Oxfordshire, United Kingdom. *Env Microbiol Rep* 7, 782–788. doi: 10.1111/1758-2229.12314.
- COLLES, F.M., DINGLE, K.E., CODY, A.J., MAIDEN, M.C.J. (2008): Comparison of *Campylobacter* Populations in Wild Geese with Those in Starlings and Free-Range Poultry on the Same Farm. *Appl Environ Microb* 74, 3583–3590. doi: 10.1128/AEM.02491-07.
- CONRATHS, F.J., GEUE, L., GROSCHUP, M.H., HÄNEL, L., HENNING, K., KÖHLER, H., MELZER, F., METHNER, U., MOSER, I., MÜLLER, T., RABACH, A., SACHSE, K., SCHARES, G., SCHULZ, F., TACKMANN, K., WERNER, O., METTENLEITER, T.C. (2004): Zoonosen der Nutz- und Wildtiere und ihre Bedeutung in Deutschland. *Bundesgesundheitsblatt* 47, 633–646. doi: 10.1007/s00103-004-0866-8.
- DEDIE, K., BOCKEMÜHL, J., KÜHN, H., VOLKMER, K., WEINKE, T. (1993): Bakterielle Zoonosen bei Tier und Mensch. Epidemiologie, Pathologie, Klinik, Diagnostik und Bekämpfung. Enke, Stuttgart.
- DEUTZ, A., KÖFER, J. (2000): Niederwild (Fuchs, Feldhasen, Fasan und Ente) als Träger von Zoonose-Erregern. *Berl Münch Tierärztl* 113, 401–406.
- DEUTZ, A., KÖFER, J., PLESS, P. (1999): Beitrag zur Lebensmittelhygienischen Unbedenklichkeit von Kleinwild



- (Hasen, Fasane, Enten). In: 40 Arbeitstagung des Arbeitsgebietes Lebensmittelhygiene. DVG, 351–355.
- EHRRICH, R., SLICKERS, P., GOELLNER, S., HOTZEL, H., SACHSE, K. (2006). Optimized DNA microarray assay allows detection and genotyping of single PCR-amplifiable target copies. *Mol Cell Probe* **20**, 60–63.
- ELMBERG, J., BERG, C., LERNER, H., WALDENSTRÖM, J., HESSEL, R. (2017). Potential disease transmission from wild geese and swans to livestock, poultry and humans: a review of the scientific literature from a One Health perspective. *Infect Ecol Epidemiol* **7**, doi: 10.1080/20080868.2017.1300450.
- FEARE, C.J., SANDERS, M.F., BLASCO, R., BISHOP, J.D. (1999). Canada geese (*Branta canadensis*) droppings as a potential source of pathogenic bacteria. *J R Soc Promo Health* **119**, 146–155.
- FOHRMANN, B., KORBEL, R. (in Vorbereitung): Handlungsleitfaden Ferkelwild. Dissertation, Ludwig-Maximilians-Universität München.
- FOLEY, S.L., LYNNE, A.M., NAYAK, R. (2008). *Salmonella* challenge. *J Anim Sci* **106**, E149–E52. doi: 10.2527/jas.2007-0464.
- FRÖST, J.A. (2001). Current epidemiological issues in human campylobacteriosis. *J Appl Microbiol* **90**, 855–955. doi: 10.1046/j.1365-2672.2001.01357.x.
- FUCHS, G. (Hrsg.) (2014). Allgemeine Mikrobiologie. 9. Aufl., Thieme, Stuttgart.
- GLINDER, G., WEBER, R. (2000). *Campylobacter* beim Geflügel. Lohmann Information, 1–10.
- GÖRGEN, A. (2018). Wildvogelvorkommen Bayern. Bayerisches Landesamt für Umwelt, Augsburg.
- GUO, W., LI, J., KALTENBOECK, B., GONG, J., FAN, W., WANG, C. (2016). *Chlamydia gallinacea*, not *C. psittaci*, is the endemic chlamydial species in chicken (*Gallus gallus*). *Sci Rep* **6**, 19638. doi: 10.1038/srep19638.
- HARTUNG, M., TENHAGEN, B.-A., ALT, K., KÄSBOHRER, A. (2016). Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2014. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin.
- HERMANN, B., PERSSON, H., JENSEN, J.-K., JOENSEN, H.D., KLINT, M., OLSEN, B. (2006). *Chlamydia psittaci* in Fulmars, the Faroe Islands. *Emerg Infect Dis* **12**, 330–332. doi: 10.3201/eid1202.050404.
- HUGHES, L.A., BENNETT, M., COFFEY, P., ELLIOTT, J., JONES, T.R., JONES, R.C., LAHUERTA-MARIN, A., LEATHERBARROW, A.H., MCNIFFE, K., NORMAN, D., WILLIAMS, N.J., CHANTREY, J. (2009). Molecular epidemiology and characterization of *Campylobacter* spp. isolated from wild bird populations in northern England. *Appl Environ Microb* **75**, 3007–3015. doi: 10.1128/AEM.02459-08.
- INTERNATIONAL ORGANIZATION OF STANDARDIZATION (2017). Microbiology of the food chain – Horizontal method for the detection, enumeration and serotyping of *Salmonella* – Part 1: Detection of *Salmonella* spp.
- JAWOREK, J.K. (2012). Bakteriologische Untersuchungen an Grauganskot in urbanen Naherholungsgebieten mit besonderem Fokus auf den Englischen Garten. Bachelor Thesis Studiengang Biologie, TU-München.
- KALCHREUTER, H. (2000). Das Wasserwild. Verbreitung und Lebensweise – Jagdliche Nutzung und Erhaltung. 2. Aufl., Kosmos, Stuttgart.
- KAPPERUD, G., ROSEF, O. (1983). Avian Wildlife Reservoir of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni*, *Yersinia* spp., and *Salmonella* spp. in Norway. *Appl Environ Microb* **45**, 375–380.
- KELLER, J.I., SHRIVER, W.G. (2014). Prevalence of three campylobacter species, *C. jejuni*, *C. coli*, and *C. lari*, using multilocus sequence typing in wild birds of the Mid-Atlantic region, USA. *J Wildlife Dis* **50**, 31–41. doi: 10.7589/2013-06-136.
- KIST, M. (2002). Lebensmittelbedingte Infektionen durch *Campylobacter*. Bundesgesundheitsblatt **45**, 497–506. doi: 10.1007/s00103-002-0419-2.
- KÖNIG, A., KLEINHEINZ, A., HOF, C., CARSTENSEN, N. (2013). Ökologie und Management von Wildgänsen in Bayern, TU München.
- KRAWIEC, M., PIASECKI, T., WIELICZKO, A. (2015). Prevalence of *Chlamydia psittaci* and Other *Chlamydia* Species in Wild Birds in Poland. *Vector-borne Zoonot* **15**, 652–655. doi: 10.1089/vbz.2015.1814.
- KWON, Y.-K., CH, J.-Y., JEONG, O.-M., MOON, O.-K., KANG, M.-S., JUNG, B.-Y., AN, B.-K., YOUN, S.-Y., KIM, H.-R., JANG, I., LEE, H.-S. (2017). Prevalence of *Campylobacter* species in wild birds of South Korea. *Avian Pathol* **46**, 474–480. doi: 10.1080/03707457.2017.1315048.
- LEBLANC-MARIDOR, M., BEAUDEAU, F., SEEGER, H., DENIS, M., BELLOC, C. (2011). Rapid identification and quantification of *Campylobacter coli* and *Campylobacter jejuni* by real-time PCR in pure cultures and in complex samples. *BMC Microbiol* **11**, 113. doi: 10.1186/1471-2180-11-113.
- LILLEHAUG, A., JONASSEN, C.M., BERGSJØ, B., HOFSHAGEN, M., THARALDSEN, J., NESSE, L.L., HANDELAND, K. (2005). Screening of Feral Pigeon (*Columba livia*), Mallard (*Anas platyrhynchos*) and Graylag Goose (*Anser anser*) Populations for *Campylobacter* spp., *Salmonella* spp., Avian Influenza Virus and Avian Paramyxovirus. *Acta Vet Scand* **46**, 193–202.
- LUECHTEFELD, N.A.W., BLASER, M.J., RELLER, L.B., WANG, W.L. (1980). Isolation of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni* from Migratory Waterfowl. *J Clin Microbiol* **12**, 408–409.
- MOHAN, V. (2015). Faeco-prevalence of *Campylobacter jejuni* in urban wild birds and pets in New Zealand. *BMC Res Notes* **8**, 1. doi: 10.1186/s1756-0500-8-1.
- MOHAN, V., STEVENSON, M., MARSHALL, J., FEARNEHEAD, P., HOLLAND, B.R., HOTTER, G., FRENCH, N.P. (2013). *Campylobacter jejuni* colonization and population structure in urban populations of ducks and starlings in New Zealand. *Microbiology open* **2**, 659–673. doi: 10.1002/mbo3.102.
- MOMMER, A.V. (2002). Krankheiten und Todesursachen von Psittaciden. Dissertation, Justus-Liebig-Universität Gießen.
- NADEAU, E., MESSIER, S., QUESSY, S. (2002). Prevalence and Comparison of Genetic Profiles of *Campylobacter* Strains Isolated from Poultry and Sporadic Cases of *Campylobacteriosis* in Humans. *J Food Protect* **65**, 73–78. doi: 10.4315/0362-028X-65.1.73.
- OTTO, P., NÖCKLER, K., HOFFMANN, L. (2002). Tagungsbericht Symposium: Heimtiere als Überträger humanpathogener Infektionserreger. Teil 1 – Bakterielle Zoonosen. Bundesgesundheitsblatt **45**, 171–179.
- PANTCHEV, A., STING, R., BAUERFEIND, R., TYCZKA, J., SACHSE, K. (2009). New real-time PCR tests for species-specific detection of *Chlamydia psittaci* and *Chlamydia abortus* from tissue samples. *Vet J* **181**, 145–150.

- PUYSELEVER, R. de, PUYSELEVER, L. de, GELDHOFF, J., COX, E., VANROMPAY, D. (2014): Development and Validation of a Real-Time PCR for *Chlamydia suis* Diagnosis in Swine and Humans. *PLoS One* **9**, 1–7. doi: 10.1371/journal.pone.0096704.
- REHN, M., RINGBERG, H., RUNEHAGEN, A., HERRMANN, B., OLSEN, B., PERSSON, A.C., HJERTQVIST, M., KÜHLMANN-BERENZON, S., WALLENSTEN, A. (2013): Unusual increase of psittacosis in southern Sweden linked to wild bird exposure, January to April 2013. *Euro Surveill* **18**, 20478.
- ROBERT KOCH INSTITUT (Hrsg.) (2007): *Heimterhaltung - Chancen und Risiken für die Gesundheit*. Gesundheitsberichterstattung des Bundes, vol. 19. Berlin.
- ROBERT KOCH INSTITUT (2014): *Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2013*. Datenstand: 1. März 2014. Berlin.
- ROBERT KOCH INSTITUT (2015): *Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2014*. Datenstand: 1. März 2015. Berlin.
- ROBERT KOCH INSTITUT (2016): *Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2015*. Datenstand: 1. März 2016. Berlin.
- ROBERT KOCH INSTITUT (2017a): *Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016*. Datenstand: 1. März 2017. vol. 38. Berlin.
- ROBERT KOCH INSTITUT (2017b): RKI-Ratgeber für Ärzte - Salmonellose. [https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblätter/Ratgeber\\_Salmonellose.html](https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblätter/Ratgeber_Salmonellose.html). Accessed 17 December 2017.
- ROLLE, M., BACHMANN, P., GEDEK, B., MAHNEL, H., SCHELS, H., MAYR, A. (1984): *Medizinische Mikrobiologie, Infektions- und Seuchenlehre für Tierärzte, Biologen und Agrarwissenschaftler*. 5. Aufl., Enke, Stuttgart.
- RUTSCHKE, E. (1997): *Wildgänse. Lebensweise - Schutz - Nutzung*, 1. Aufl., Parey, Berlin.
- SACHSE, K., BAVOIL, P.M., KALTENBOECK, B., STEPHENS, R.S., KUO, C.-C., ROSSELLO-MORA, R., HORN, M. (2015): Emendation of the family Chlamydiaceae: Proposal of a single genus, *Chlamydia*, to include all currently recognized species. *Syst Appl Microbiol* **38**, 99–103. doi: 10.1016/j.syapm.2014.12.004.
- SACHSE, K., KUEHLEWIND, S., RUETTOGER, A., SCHUBERT, E., ROHDE, G. (2012): More than classical *Chlamydia psittaci* in urban pigeons. *Vet Microbiol* **157**, 476–480. doi: 10.1016/j.vetmic.2012.01.002.
- SHEPPARD, S.K., COLLIS, F.M., MCCARTHY, N.D., STRACHAN, N.J.C., OGDEN, I.D., FORBES, K.J., DALLAS, J.F., MAIDEN, M.C.J. (2011): Niche segregation and genetic structure of *Campylobacter jejuni* populations from wild and agricultural host species. *Mol Ecol* **20**, 3484–3490. doi: 10.1111/j.1365-294X.2011.05179.x.
- SKIRROW, M.B. (1991): Epidemiology of *Campylobacter* enteritis. *Int J Food Microbiol* **12**, 9–16.
- SKIRROW, M.B. (1994): Diseases due to *Campylobacter*, *Helicobacter* and related bacteria. *J Comp Pathol* **111**, 113–149.
- SPALLINGER, E., HABERLEITNER, A., PAULSEN, P. (2005): Untersuchung von Fasanen auf das Vorkommen von *Salmonella* sp. Tagung Niederwild - Wildtiergesundheit, Lebensmittelsicherheit und Qualität, 10. November 2005, Wien, Österreich, 117–122.
- STEININGER, F. (1967): Salmonellen bei einer Seesvogel-Epidemie auf Scharhorn. *Arch Hyg Bakteriol* **151**, 3–4.
- STEPHENS, R.S., KALMAN, S., LAMMEL, C., FAN, J., MARATHE, R., ARAVIND, L., MITCHELL, W., QUINGER, L., TATISOV, R.L., ZHAO, Q., KOONIN, E.V., DAVIS, R.W. (1998): Genome Sequence of an Obligate Intracellular Pathogen of Humans: *Chlamydia trachomatis*. *Science* **282**, 754–759. doi: 10.1126/science.282.5369.754.
- SZYMANSKA-CZERWINSKA, M., MITURA, A., NIEMCZUK, K., ZAREBA, K., JOELKO, A., PLUTA, A., SCHARF, S., VITEK, B., AAZIZ, R., VORIMORE, F., LAROUCAU, K., SCHNEE, C. (2017): Dissemination and genetic diversity of chlamydial agents in Polish wildfowl: Isolation and molecular characterisation of avian *Chlamydia abortus* strains. *PLoS One* **12**, e0174599. doi: 10.1371/journal.pone.0174599.
- TELFER, B.L., MOBERLEY, S.A., HORT, K.P., BRANLEY, J.M., DWYER, D.E., MUSCATELLO, D.J., CORRELL, P.K., ENGLAND, J., MCANULTY, J.M. (2009): Probable psittacosis outbreak linked to wild birds. *Emerg Infect Dis* **11**, 391–397. doi: 10.3201/eid1103.040501.
- WAGNER, C. (2015): Inselanbindung zur Reduzierung von Wildgansbruten. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Freising.
- WALDENSTRÖM, J., BROMAN, T., CARLSSON, I., HASSELQUIST, D., ACHTERBERG, R.P., WAGENAAR, J.A., OLSEN, B. (2002): Prevalence of *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, and *Campylobacter coli* in different ecological guilds and taxa of migrating birds. *Appl Environ Microb* **68**, 5911–5917.
- WHITMAN, W.B. (Hrsg.) (2015): *Bergey's manual of systematics of archaea and bacteria*. Wiley, Hoboken, NJ.

#### Rechtsnormen

- Verordnung (EG) Nr. 853/2004 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 29. April 2004 mit spezifischen Hygienevorschriften für Lebensmittel tierischen Ursprungs. VO (EG) Nr. 853/2004, 29. April 2004, in der Fassung vom 18. Oktober 2008. Amtsblatt der EU L 277, 8.
- Verordnung über Anforderungen an die Hygiene beim Herstellen, Behandeln und Inverkehrbringen von Lebensmitteln. (Lebensmittelhygieneverordnung - LMHV) 08.06.2007, in der Fassung vom 21.06.2016. BGBl I S. 1469.
- Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten (TKrMeldpV 1983). 09.08.1983, in der Fassung vom 11.2.2011. BGBl I S. 1474.

## 4. DISKUSSION

### 4.1. Probennahme

#### 4.1.1. Probenherkunft

Die Verteilung der Tierzahlen auf die zehn Landkreise zeigt eine deutliche Ballung für die Region „Chiemgau“ mit den Landkreisen Rosenheim, Bad Aibling, Wasserburg und Traunstein. 204 von 320 (63,75%) untersuchten Tieren stammten aus dieser Region. Wie aus der folgenden Karte entnommen werden kann, stellen die genannten Landkreise um den Chiemsee ein Ballungszentrum für Wasserwild dar.

Neben der Gewinnung von Proben aus verschiedenen Regionen Bayerns wurde eine Fokussierung auf dieses nahe gelegene Ballungszentrum für Wasserwild bereits in der Studienplanung angestrebt. Denn bei Enten und Gänsen handelt es sich um nicht standorttreue Wildvögel. Vielmehr kommt es bekanntermaßen bei Wildenten ab dem Hochsommer zu großen Tieransammlungen an besonders geeigneten Gebieten (Bezzel 1972). Der Chiemsee stellt eine solche Region dar. Auch viele Gänse aus ganz Europa sowie nördlicheren Gebieten nutzen Mitteleuropa als Überwinterungsgebiet (Kalchreuter 2000; Rutschke 1997). Folglich ist davon auszugehen, dass sich im Herbst und Winter, wenn die Jagdzeit auf Wassergeflügel

stattfindet, nicht nur Enten und Gänse in den Ballungsgebieten befinden, die sich ganzjährig dort aufhalten. Vielmehr versammeln sich in einem besonders guten Habitat Tiere aus vielen verschiedenen Regionen. Demnach kann auch Befunden von Wildvögeln, die dort erlegt werden, überregionale Bedeutung beigemessen werden. Aufgrund dieser Schlussfolgerung verliert eine Zuordnung auf Landkreisebene an Bedeutung und somit auch eine Überrepräsentation von in der Region Chiemgau erlegten Tieren. Die Erlegung einer 2015 in Helgoland beringten Graugans (Vogelwarte Radolfzell 2016, persönliche Mitteilung) im Kreis Günzburg auf einer der Jagden, an denen Proben entnommen wurden, unterstreicht die hier angestellten Überlegungen.

#### **4.1.2. Probenentnahmetechnik**

Zum Erregernachweis wurden Kloakentupfer sowie Organmaterial von Leber, Milz und Darm entnommen. Diese Kombination erschien sinnvoll, da die Untersuchung eines Kloakentupfers Aussage darüber gibt, ob das beprobte Tier die Keime mit dem Kot ausscheidet, während die Untersuchung von inneren Organen Erkenntnisse liefert, ob es zu einer systemischen Infektion gekommen ist. Bei allen drei untersuchten Keimen ist bekannt, dass es bei Geflügel zu latentem Trägertum sowie intermittierender Erregerausscheidung kommen kann (Dedié et al. 1993; Harkinezhad et al. 2009; Siegmann 2005). Das bedeutet, dass bei einer Untersuchung nur mittels Tupferproben Tiere, die zwar den Erreger in sich tragen aber nicht ausscheiden, als

negativ erfasst würden.

Harkinezhad et al. (2009) empfehlen zur Untersuchung von Chlamydien die Entnahme von Choanen- beziehungsweise oropharyngealen Tupfern anstatt von Kloakentupfern. Die Empfehlung gründet sich auf den Nachweis hoher Keimzahlen in respiratorischen Sekreten bei infizierten Tieren (Harkinezhad et al. 2009). Es war jedoch bereits bei Erstellung des Studiendesigns klar, dass es nicht möglich sein würde, an allen stattfindenden Jagden persönlich anwesend zu sein. Daher musste die Probenentnahme für beauftragte Jäger vor Ort so einfach wie möglich gestaltet werden. Aus diesem Grund wurde auf die Entnahme eines weiteren Tupfers verzichtet. Die Tupferprobengewinnung wurde in 68% der Fälle durch beauftragte Jäger vor Ort durchgeführt, was zur Folge hat, dass bei diesen Entnahmen keine Aussage über die einwandfreie Durchführung der Entnahme getroffen werden kann. Dies ist bei der Beurteilung der Ergebnisse zu berücksichtigen.

Leber, Milz und Darm wurden als geeignetes Organmaterial zur Untersuchung ausgewählt, da es sich hierbei um Manifestationsorgane der untersuchten Keime handelt. Auch bei latent infizierten Tieren sind Erregerstrukturen dort nachweisbar, selbst wenn zum Zeitpunkt der Untersuchung keine Keime über Se- und Exkrete ausgeschieden werden (Dedié et al. 1993; Siegmann 2005).

Die Organproben wurden der Salmonellenanreicherung sowie den

molekularbiologischen Untersuchungen als „Pool“ zugeführt, also nicht einzeln untersucht. Es kann jedoch von einer systemischen Infektion ausgegangen werden kann, wenn der betreffende Erreger in einem der Organe nachzuweisen ist. Jedoch ergibt sich durch den auf der Jagd üblichen Schrotschuss und die damit nicht selten einhergehende Perforation des Darmkonvoluts die Möglichkeit der Kontamination der zu untersuchenden Organe durch Fäzes. Dadurch bestand die Gefahr von falsch positiven Organbefunden, die so weit wie möglich ausgeschlossen wurden. Einerseits wurden die Organproben den Tieren so bald wie möglich nach Erlegung entnommen. Des Weiteren wurde die Manipulation innerhalb der Leibeshöhle auf ein Minimum beschränkt und Organproben nicht an Stellen entnommen die sichtbar kontaminiert oder durch direkte Projektileinwirkung verletzt waren. Trotz eines nicht auszuschließenden Restrisikos von falsch positiven Organbefunden wurde die beschriebene Methode gewählt, da sich die Studie mit potentiell humanpathogenen Bakterien befasst. In diesem Kontext wurde mehr Wert darauf gelegt, falsch negative Befunde zu vermeiden als zwischen latent infizierten Tieren und systemisch infizierten Tieren, die aktuell keine Ausscheider sind, zu unterscheiden.

#### **4.1.3. Statistik (Probenmenge)**

Insgesamt wurden 352 Vögel auf das Vorkommen von Salmonellen, *Campylobacter* sp. und *Chlamydia* sp. untersucht. Die

Gesamtprobenzahl kann keinen Rückschluss auf die bayerische Wasserwildpopulation im Sinne von exakten Prävalenzschätzungen für jede der untersuchten Wildvogelspezies liefern. Die vorgelegte Untersuchung wurde als Survey beziehungsweise Übersichtsstudie geplant, die einen ersten Eindruck der bakteriellen Belastung der Gesamtheit an wildlebendem bayerischem Wassergeflügel liefern soll.

Bei 29,0% der Tiere wurde Organmaterial untersucht. Es wäre wünschenswert gewesen, bei mehr Tieren Organe untersuchen zu können. Dies war einerseits durch jagdorganisatorische Hindernisse nicht möglich, wie zum Beispiel die Kühlung ganzer Tiere bis zum Rupfen. Andererseits ist dies damit zu begründen, dass eine persönliche Anwesenheit nicht auf allen Jagden möglich oder auch erwünscht war. Auf eine Organprobenentnahme durch beauftragte Jäger wurde verzichtet, um eine möglichst hohe Compliance bei eigener Abwesenheit zu erreichen.

Auch wäre die Untersuchung von mehr Gänsen, gerade in Anbetracht des aktuell massiven Populationszuwachses, erstrebenswert gewesen. Nach eigenen Beobachtungen des Autors werden Gänse auf Gesellschaftsjagden üblicherweise nicht bei etablierten Jagdformen wie dem Abendstrich in der Dämmerung, wie er bei Enten üblich ist, erlegt. Die erfolgreiche Bejagung von Wildgänsen erfordert ein hohes Maß an Planung sowie einen gewissen Erfahrungsschatz. Dieser kann bei einem sprunghaften Populationsanstieg naturgemäß nicht in der gesamten Jägerschaft vorausgesetzt werden. Die Tatsache, dass sich

78 erlegte Gänse dieser Studie auf lediglich 4 Jagdpächter verteilen, unterstützt diese Einschätzung.

Bei einer Gesamtmenge von 352 untersuchten Tieren stellen 50 Blässhühner eine relative Überrepräsentation dar. Einerseits haben die Tiere als Lebensmittel eine untergeordnete Bedeutung, andererseits bleibt die mögliche Exposition durch Umgang mit dem erlegten Tier davon unberührt. Bei keinem der 50 untersuchten Blässhühner wurde ein Keimnachweis erbracht. Dies stellt einen interessanten Befund für die Jagdhundebildung dar, denn viele der nicht als Lebensmittel genutzten Vögel werden in diesem Bereich eingesetzt.

Bei dem erlegten Gänsesäger handelt es sich um einen Fehlabschuss, der auf einer Gänsejagd stattgefunden hat. Gänsesäger sind seltene Brutvögel in Bayern und unterliegen zwar dem Jagdrecht, jedoch sind sie ganzjährig geschont. Seit 1976 dürfen Gänsesäger in Bayern nicht mehr bejagt werden. Auch wenn das Tier nicht als Lebensmittel verwendet wurde, wurden zumindest die Jäger durch den Umgang mit dem Tierkörper einem potenziellen Infektionsrisiko ausgesetzt.

#### **4.2. Untersuchungsmethoden**

Für die Salmonellenanreicherung wurden die entnommenen Proben kurzfristig in das Labor verbracht und untersucht. So wurden die Proben im Durchschnitt 1,6 Tage nach Entnahme einer Anreicherung



unterzogen. Das Material für molekularbiologischen Untersuchungen kam überwiegend später zur Untersuchung und wurde zu diesem Zweck bis dahin bei -20 °C aufbewahrt.

### **4.3. Untersuchungsergebnisse**

#### **4.3.1. Auf der Jagd erlegte Tiere**

##### **4.3.1.1. Salmonellen**

Der Nachweis von *Salmonella enteritidis* aus Organmaterial einer Ente entspricht den Angaben der Literatur sowie bisheriger Forschungsarbeiten. Dedié et al. (1993) geben an, dass bei Enten und Gänsen mit dem Vorkommen dieses Serovars gerechnet werden muss. Auch die Nachweisquote bei einer positiven Probe in Höhe von 0,3% (n = 298, KI95%: 0,1 - 1,8%) entspricht den Erwartungen, die aufgrund anderer Untersuchungen an Wassergeflügel gestellt wurden.

Bei anderen Untersuchungen an Enten und Gänsen wurden zumeist Resultate in ähnlicher Höhe ermittelt. Bei der Untersuchung von 222 Kotproben von Kanadagänsen im Englischen Garten in München konnten mittels Anreicherungsverfahren in keiner der untersuchten Proben Salmonellen nachgewiesen werden (Jaworek 2012). Ebenfalls ohne Salmonellennachweis blieb eine Untersuchung in Schweden 2003. Hierbei wurden Kotproben von 200 erlegten Kanadagänsen mittels Anreicherungsverfahren untersucht (Wahlström et al. 2003). In Norwegen wurden 2005 219 Gänse und 5 Enten mittels Kot-beziehungsweise Kloakentupfern auf das Vorkommen von

Salmonellen untersucht. Als Untersuchungsmethoden wurden hier Anzucht auf Selektivnährböden nach Voranreicherung, Tests auf Urease und H<sub>2</sub>S sowie Schnellbestimmungssysteme (API) eingesetzt. Dabei konnte bei einer Gans das Serovar *Salmonella diarizona* nachgewiesen werden (Lillehaug et al. 2005). Ebenfalls ein einzelner Nachweis erfolgte bei der Kloakentupferanalyse von 87 Enten, die 1998 in Österreich erlegt und untersucht wurden. Hierbei konnte *Salmonella enterica* ssp. *enterica* Serovar Chester festgestellt werden. Die Proben wurden nach Voranreicherung auf Selektivnährböden angezüchtet, die serologische Bestätigung erfolgte mittels polyvalenten Antiserums (Deutz et al. 1999).

Bei Untersuchungen in England und Japan wurden bei Enten höhere Befallsraten festgestellt. Kotproben von 477 Enten aus London aus den Jahren 1969/70 wurden auf Salmonellen hin untersucht. Hierbei konnten mittels Anzucht auf verschiedenen Selektivmedien sowie biochemischer und serologischer Identifizierung bei 20 Enten Salmonellen nachgewiesen werden, was einer Nachweisrate von 4,2% entspricht. Es wurden hauptsächlich der Serotyp Typhimurium, aber auch Paratyphi B und Emek identifiziert (Mitchell und Ridgwell 1971). In der Bucht von Tokyo wurden 2007 bei einer Studie an 328 tot aufgefundenen beziehungsweise erlegten Wildvögeln auch 28 Enten untersucht. Hierbei wurden Kloakentupfer und je nach Zustand des Tieres auch Abstriche der Sohlenballen sowie Organe untersucht. Als Methode wurde Anzucht auf Selektivnährböden nach

Voranreicherung angewandt, die Identifikation erfolgte mittels polyvalenter Antiseren sowie PCR. Dabei konnten bei sechs Enten *Salmonella Typhimurium* aus Kloakentupfern nachgewiesen werden. Bei zwei Enten konnte der Befund anhand des Sohlenballenabstriches bestätigt werden. Dies entspricht einer Nachweisrate von 21,4% (Kobayashi et al. 2007).

Bei Studien an Wildwasservögeln wurden ähnliche Befallsraten wie in der vorgelegten Studie ermittelt. In Schottland und Großbritannien wurde unterschiedliches Organmaterial von 1573 Wildvögeln zwischen 1939 und 1965 mittels Anzuchtverfahren und anschließender Identifikation im Referenzlabor (Methode nicht genannt) auf Salmonellen untersucht. Dabei konnten bei 74 Vögeln Salmonellen nachgewiesen werden, was einer Befallsrate von 0,6% entspricht. Unter den positiv getesteten Tieren befanden sich eine Stockente und ein Höckerschwan. Angaben darüber, woher die untersuchten Tiere stammten und welche Spezies wie häufig vertreten waren, wurden nicht gemacht (Wilson und Macdonald 1967). In Norwegen konnte mit 0,8% eine ähnlich hohe Nachweisrate bei Wildvögeln ermittelt werden. Mittels Anzucht auf Selektivnährböden nach vorheriger Anreicherung sowie biochemischer und serologischer Identifikation, wurden bei vier Möwen Salmonellen nachgewiesen (Kapperud und Rosef 1983).

Die Ergebnisse dieser Studie decken sich größtenteils mit den Angaben in der Literatur. Wenngleich Nutz-, Heim-, und Wildgeflügel

als Salmonellenreservoir zusammengefasst und deren Bedeutung als sehr hoch eingeschätzt wird (Dedié et al. 1993), sprechen die niedrigen Nachweise bei wildlebendem Wassergeflügel eher für die These von Becker et al. (1992), dass jagdbaren Wildvögeln eher eine untergeordnete Rolle zukommt. Dies entspricht auch der Einschätzung von Elmberg et al. (2017), die festhalten, dass keine Salmonellenausbrüche bei Menschen, Nutztieren oder Hausgeflügel bekannt sind, die direkt auf Gänse, Schwäne oder deren Ausscheidungen zurückzuführen sind. Aus der Tatsache heraus, dass jedoch in vielen Stadtparks und an Stränden Wildgänse leben, leitet er ab, dass von ihnen kein großes Infektionsrisiko für Salmonellen für Menschen ausgeht.

Aus der Haltung von Wassergeflügel ist bekannt, dass bei hohem Infektionsdruck vor allem Enten und Gänse als Träger von Salmonellen im Fokus stehen (Rolle und Mayr 2007). In einzelnen Fällen wird auch berichtet, dass Salmonellen bei gesellig lebenden Wildvögeln an Wintersterblichkeit und Jungtierverlusten in Brutkolonien beteiligt sind (Dedié et al. 1993; Steininger 1967). Bei der Untersuchung in Japan nannten die Autoren als mögliche Ursache für die ungewöhnlich hohe Nachweisrate, dass die Untersuchungen im Winter durchgeführt wurden und zu dieser Zeit viele Tiere auf engem Raum zusammenkommen.

Dass bei Untersuchungen an Wildenten und Wildgänsen mit einzelnen Ausnahmen niedrige Nachweisraten festgestellt wurden, legt die

Vermutung nahe, dass die Tiere bei hohem Infektionsdruck empfänglich sind, jedoch nicht als primäre Infektionsquelle beziehungsweise Reservoir fungieren. Auch wenn an manchen Literaturstellen die Bedeutung von Nutz-, Heim-, und Wildgeflügel als sehr hoch eingeschätzt wird (Dedié et al. 1993), stützt der Salmonellennachweis bei nur einem Tier in dieser Studie zumindest in Bezug auf wildlebendes Wassergeflügel die These, dass jagdbaren Wildvögeln eine eher untergeordnete Bedeutung zukommt (Becker et al. 1992).

#### 4.3.1.2. *Campylobacter* sp.

Der Nachweis von *Campylobacter jejuni* bei 30 von 320 (9,4%, KI95%: 6,7 – 13,1%) erlegten Tieren stellt die höchste Nachweisrate eines Keims bei den auf der Jagd erlegten Tieren in diese Studie dar. Die Nachweisquote bei Enten betrug 11,9%, bei Gänsen 10,3% und bei Schwänen 9,1%. Diese Ergebnisse stimmen mit der Nachweisrate der einzigen anderen veröffentlichten Untersuchung zum Vorkommen von *Campylobacter* sp. bei Wildwassergeflügel in Bayern überein. Hierbei wurden 222 Kotproben von Graugänsen mittels Anreicherung, Anzucht auf Selektivnährböden und MALDI-TOF auf das Vorhandensein von *Campylobacter* sp. untersucht, wobei in 10,8% der Fälle *Campylobacter jejuni* nachgewiesen wurde.

Im internationalen Vergleich von Studien bei Wildvögeln liegen die in dieser Studie ermittelten Zahlen im unteren bis mittleren Bereich der zwischen 0 und 50,7% variierenden Werte. Durch die sich

unterscheidenden Untersuchungsmethoden wird ein direkter Vergleich erschwert.

Sehr niedrige und damit geringere Nachweisraten als bei der vorgelegten Untersuchung wurden bei Studien in Norwegen, Schweden und England ermittelt (Feare et al. 1999; Lillehaug et al. 2005; Waldenström et al. 2002; Hughes et al. 2009). So konnte in Norwegen bei der Untersuchung von 119 frischen Kotproben von Graugänsen sowie Kloakentupfern von 100 erlegten Graugänsen in keinem Fall *Campylobacter* sp. nachgewiesen werden. Das Untersuchungsmaterial wurde auf Selektivnährböden angezüchtet. Zusätzlich wurden in der Studie Proben von fünf eingefangenen Enten untersucht. Hierbei konnte in einem Fall *Campylobacter jejuni* ssp. *jejuni* nachgewiesen werden. Aufgrund der sehr geringen Zahl von fünf untersuchten Tieren ist die Aussagekraft dieser Zahlen jedoch in Frage zu stellen (Lillehaug et al. 2005). Bei der Untersuchung von 1.794 Zugvögeln in Schweden wurde bei 5,0% der Tiere *Campylobacter jejuni* nachgewiesen. *Campylobacter coli* und *Campylobacter lari* wurden bei jeweils 5,6% der Tiere festgestellt. Unter den einbezogenen Zugvögeln waren lediglich elf Enten; es konnte bei diesen Tieren kein Keimnachweis von *Campylobacter* sp. erbracht werden. Die Kloakentupfer und Kotproben der untersuchten Tiere wurden ebenfalls mittels Anzucht auf Selektivnährböden untersucht, zusätzlich kamen Gramfärbung, biochemische Untersuchung sowie verschiedene PCR Untersuchungen zum Einsatz.

Die Aussagekraft dieser Studie ist in Bezug auf die untersuchten Enten aufgrund der geringen Probenzahl begrenzt. Jedoch wird eine geringe Belastung von Zugvögeln anhand einer sehr großen Probenzahl verdeutlicht (Waldenström et al. 2002). Die Kotprobenanalyse von 2084 Wildvögeln in England erbrachte den Nachweis von *Campylobacter* sp. bei 30 Tieren (1,4%). Bei 13 Tieren konnte *Campylobacter jejuni*, bei 3 Tieren *Campylobacter coli* identifiziert werden. Unter Anderem kamen Proben von 43 Pfeifenten und 30 Höckerschwänen zur Untersuchung. Bei einem Schwan (3,3%) wurde *Campylobacter coli* und bei einer Pfeifente (2,3%) *Campylobacter lari* festgestellt. Neben den Befunden an Wildwassergeflügel, die hier zu Vergleichszwecken separat betrachtet werden, wurde auch in dieser Studie anhand einer großen Tierzahl eine geringe Ausscheidung von *Campylobacter* sp. durch Wildvögel erwiesen. Neben der üblichen Anzucht auf Selektivmedien wurden auch verschiedene PCR Verfahren eingesetzt. Unter anderem wurden in diese und anderen Studien PCRs zur Multi-Lokus-Sequenz-Typisierung (MLST) eingesetzt. Diese Analysemethode wird zur Unterscheidung verschiedener Stämme von Keimen eingesetzt und dient in diesem Fall der Eintragsquellenanalyse beziehungsweise der Aufklärung der Epidemiologie und von Infektionswegen. Da in dieser Arbeit keine MLST PCRs durchgeführt wurden, werden die Schlussfolgerungen, die aus solchen Analysen in anderen Arbeiten gezogen wurden, separat dargestellt (Hughes et al. 2009). Bei einer weiteren Studie in England konnte bei der Untersuchung von 600 frischen Kotproben von wildlebendem

Wassergeflügel aus Parkanlagen in keinem Fall *Campylobacter* sp. nachgewiesen werden. Untersucht wurden hauptsächlich Proben von Kanadagänsen, aber auch 158 Proben anderer Wasservögel (Stockenten, Blässhühner, Moorhühner, Höckerschwan, Graugans, Streifengans, Mandarinente, Moschusente, verwilderte Hausenten und -gänse). Das untersuchte Material wurde nach Voranreicherung einer Anzucht auf Selektivnährböden unterzogen und eine Identifikation durch Schnellbestimmungssysteme (API) angeschlossen (Feare et al. 1999).

Neben der bereits genannten Studie von Jaworek (2012) wurden auch bei Studien in den USA, Finnland, Schweden und Südkorea (Kwon et al. 2017; Keller und Shriver 2014; Rutledge et al. 2013; Llarena et al. 2015; Wahlström et al. 2003) ähnliche Ergebnisse wie bei der vorliegenden Studie ermittelt. Neben Möwen und Schnepfenvögeln wurden in den USA 111 Schneegänse und 274 Kanadagänse mittels Kot- und Kloakentupferproben untersucht. Das Material wurde auf Selektivnährböden angezüchtet und im Anschluss wurden PCR Untersuchungen durchgeführt. Bei insgesamt 50 Gänsen und somit 13% konnte Wachstum von *Campylobacter* sp. nachgewiesen werden. Bei Schneegänsen wurde die tierartlich höchste Prävalenz innerhalb der Studie für *Campylobacter coli* in Höhe von 6,3% festgestellt. *Campylobacter jejuni* wurde bei 17% der Schneegänse und 4,7% der Kanadagänse festgestellt (Keller und Shriver 2014). Bei einer weiteren Studie in den Vereinigten Staaten wurden 318 Kotproben von



dauerhaft in urbanen Gebieten lebenden Kanadagänsen durch Anzucht auf Selektivnährböden untersucht. Im Anschluss wurden Resistenztests, PCRs, Pulsed-Field-Gel-Elektrophorese und MLST PCRs durchgeführt. Dabei konnten Prävalenzen von 5% für 2008 und 16% (16/100) für 2009 ermittelt werden. Insgesamt wurde der Keim bei 26 von 318 untersuchten Gänsen nachgewiesen (8,2%). Es handelte sich ausschließlich um *C. jejuni* Isolate (Rutledge et al. 2013). In Südkorea wurden Kotproben von 2.164 Wildvögeln nach Voranreicherung auf Selektivmedien angezüchtet, die Befunde mittels biochemischer Methoden bestätigt sowie durch PCR Methoden differenziert. Hierbei konnte sowohl bei allen untersuchten Tieren (n = 2.164) als auch bei den einbezogenen Entenvögeln (n = 1.642) bei 15,3% der Tiere *Campylobacter* nachgewiesen werden. Besonders hohe tierartliche Nachweisraten ergaben sich bei Pfeifenten (*Anas penelope*, 64 von 88) und Sichelenten (*Anas falcata*, 2 von 4) mit 52,2% beziehungsweise 50%. Innerhalb der 213 *Campylobacter* sp. Isolate dominierte *C. jejuni* mit 79,3% (169/213), gefolgt von *C. coli* (9,3%, 20/213), einem Nachweis von *C. lari* (0,4%) sowie 10,7% anderer *Campylobacter* sp. (Kwon et al. 2017). Bei der Kotprobenanalyse von Weißwangengänsen in Parks im Großraum Helsinki wurde eine *Campylobacter jejuni* - Prävalenz von 16,9% festgestellt. Das Untersuchungsmaterial wurde angereichert, auf Selektivnährböden angezüchtet, einer Gram-Färbung unterzogen und im Anschluss mittels PCR bestätigt. Darüber hinaus wurden PCR Verfahren zur MLST Analyse sowie Bayesian analysis of population structure (BAPS), Resistenztests und

Genomsequenzierungen durchgeführt. Für 2011 betrug die Prävalenz 11,5%, für 2012 23,1% (Llarena et al. 2015). Bei der Kotuntersuchung von verschiedenen erlegten Wildtieren (n =791) auf das Vorkommen verschiedener Keime kamen auch Kanadagänse und Möwen zur Untersuchung. Die Untersuchung auf thermophile *Campylobacter* Arten erfolgte nach Anzucht auf Selektivmedien und PCR. Bei 22% der Möwen sowie 15% der untersuchten Kanadagänse konnte *Campylobacter* sp. nachgewiesen werden, wobei die 200 untersuchten Proben von Gänsen gepoolt untersucht wurden. Die Poolgrößen wurden hierbei nicht angegeben (Wahlström et al. 2003).

Bei einer weiteren Studie aus den USA aus dem Jahr 1980, einer Studie aus Österreich sowie bei zwei aktuelleren Untersuchungen aus Neuseeland wurden höhere Nachweisraten bei Enten erbracht (Mohan 2015; Mohan et al. 2013; Luechtefeld et al. 1980). Bei der Analyse von Cäcuminhalt von 445 Enten verschiedener Arten wurde eine Befallsrate von 34,6% ermittelt. Dabei wurde das Material auf Selektivmedien angezüchtet, einer Gramfärbung unterzogen und biochemisch sowie mittels Dunkelfeldmikroskopie differenziert (Luechtefeld et al. 1980). Ebenfalls durch Anzucht auf Selektivnährböden konnten bei 18 von 87 (20,7%) mittels Tupferproben untersuchten Enten *Campylobacter* spp. nachgewiesen werden, die genauen Erregerarten wurden hier nicht angegeben (Deutz et al. 1999). In Neuseeland wurden 2013 und 2015

Untersuchungen an Kotproben verschiedener Wildvögel vorgenommen. 2013 wurden Kotproben von 720 Stockenten und 716 Staren untersucht. Die verwendeten Methoden waren Anzucht auf Selektivnährboden, biochemische Differenzierung sowie PCR und MLST Verfahren. Bei dieser Studie wurde eine Prävalenz von 30% für *Campylobacter* bei Wildenten sowie 46% bei Staren festgestellt, die Prävalenz von *Campylobacter jejuni* lag für Enten bei 23% und für Staren bei 21% (Mohan et al. 2013). Bei einer weiteren Studie aus Neuseeland wurden Kotproben von 1.768 Wildvögeln aus städtischen Lebensräumen sowie 580 Haustiere auf das Vorkommen von *Campylobacter jejuni* untersucht. Auch hier kamen Anzucht auf Selektivnährböden, biochemische Methoden zur Differenzierung sowie PCR Verfahren zur Bestätigung zum Einsatz. Es ergaben sich für die verschiedenen einbezogenen Tierarten folgende Prävalenzen: Enten (n = 906): *Campylobacter* sp.: 29%, *Campylobacter jejuni*: 20%, Gänse (n = 23) *Campylobacter* sp.: 9%, *Campylobacter jejuni* 9%, Schwäne (n = 2) *Campylobacter* sp.: 50%, *Campylobacter jejuni*: 0%. Die höchste *Campylobacter* sp. Prävalenz wurde auch hier bei Staren ermittelt. Sie betrug 41%, für *Campylobacter jejuni* lag sie bei 18% (Mohan 2015). In England wurde bei Wildgänsen ebenfalls eine deutlich höhere Nachweisrate als in dieser Studie festgestellt. Die untersuchten Kotproben wurden nach Voranreicherung auf Selektivnährböden angezüchtet, biochemisch und kulturell differenziert sowie mittels Real Time PCR analysiert. Auch hier wurden zusätzlich MLST Analysen durchgeführt. Untersucht wurden in der

Studie 331 Kotproben von Wildgänsen, hauptsächlich Kanada- und Graugänse (*Branta canadensis*, *Anser anser*), 954 Kotproben von Staren, Kloakentupfer von Tieren aus 63 Hühnerherden sowie 84 Kotproben von Lämmern. Bei den 331 untersuchten Kotproben von Gänsen ergab sich eine Prävalenz von 50,2% für *Campylobacter jejuni* und 0,3% für *Campylobacter coli*. Die *Campylobacter* sp. Prävalenzen betrugen bei Hühnern 90,4%, für Staren 36,8%. Bei Lämmern konnte nur *Campylobacter jejuni* mit einer Prävalenz von 4,8% nachgewiesen werden (Colles et al. 2008).

Auch bei der Untersuchung von anderen Wildvögeln als Enten, Gänsen und Schwänen ergab sich meist eine höhere Nachweisrate von *Campylobacter* sp. So zum Beispiel bei der Untersuchung von 400 Kloakentupfern von Stadttauben in Barcelona mit einer Nachweisrate von 26,2% (Casanovas et al. 1995) oder bei der Untersuchung von Wildvögeln in Dänemark. Hier wurde bei 61,8% der untersuchten Drosseln und 21,3% der Sperlinge der Keim nachgewiesen werden (Hald et al. 2016). Ebenso verhielt es sich bei in Norwegen beprobten Krähen, Möwen und Tauben, bei denen die Nachweisrate von *Campylobacter jejuni* bei 28,4% lag (Kapperud und Rosef 1983).

#### 4.3.1.2.1. MLST Analysen

Bei einigen der oben genannten Arbeiten sowie zwei weiteren Untersuchungen wurden MLST-Analysen durchgeführt, deren Ergebnisse hier als Übersicht dargestellt werden. Bei dieser Methode werden sogenannte Haushaltsgene analysiert, anhand derer die *Campylobacter* Isolate verschiedenen Linien zugeordnet werden. Diese Linien werden in einer zentralen Datenbank gespeichert und durch es kann anhand der gemeldeten Daten festgestellt werden, ob eine Linie lediglich bei bestimmten Tierarten vorkommt, nur beim Menschen bekannt ist oder eine geringe Wirtsspezifität besitzt.

In Schottland wurden 3.451 Isolate von menschlichen Erkrankungsfällen mittels MLST einer Eintragsquellenanalyse unterzogen. Dabei konnten 46% der Fälle auf Geflügel zurückgeführt werden, 31% auf Wiederkäuer und 1,9% auf Wildvögel (Bessell et al. 2012). In England wurde eine Forschungsarbeit mit Daten aus zehn Studien durchgeführt. Es kamen Stuhlproben von 1.549 erkrankten Menschen sowie 1.145 Proben von Tieren und aus der Umwelt zur Untersuchung. Dabei wurden 97% der Fälle auf Mast und Geflügelhaltung und 3% auf Wildvögel beziehungsweise umweltbedingten Eintrag zurückgeführt (Wilson et al. 2008). Bei der Untersuchung von 5.628 in England beim Menschen isolierten Keimen konnten 2,1 – 3,5% auf Wildvögel zurückgeführt werden. Diese prozentual geringe Nachweisrate bedeutet in absoluten Zahlen, dass

circa 10.000 Fälle pro Jahr in England durch Wildvögel verursacht wird. Diese Schätzung basiert auf einer Annahme von 2,1% Wildvogelanteil (Cody et al. 2015).

Diese Ergebnisse spiegeln sich auch in der vergleichenden Untersuchung von *Campylobacter*-Stämmen bei Wildenten und domestizierten Enten von Colles et al. (2011) wieder. Bei 92,4% der Isolate von domestizierten Enten handelte es sich um Linien, die beim Menschen vorkommen, bei den untersuchten Wildenten konnte lediglich ein solcher Keim nachgewiesen werden. Die Autoren folgern daraus, dass durch Tierhaltung und intensive Landwirtschaft möglicherweise ein Reservoir für humanpathogene Keimlinien geschaffen wird.

Griekspoor et al. (2013) kommen zu ähnlichen Schlussfolgerungen bei der Untersuchung von 928 Wildvogel- und 1.366 Isolaten von domestizierten Tieren aus Europa und Australien. Dabei konnte festgestellt werden, dass phylogenetisch unterschiedliche Wildvögel jeweils unterschiedliche *Campylobacter*-Linien beherbergen, die sich auch von humanen Isolaten und von den Isolaten von domestizierten Tieren unterscheiden. Bei phylogenetisch nicht ähnlichen domestizierten Tieren hingegen war die Unterschiedlichkeit der Isolate geringer. Basierend auf diesen Ergebnissen stellen die Autoren die These auf, dass domestizierte Tiere eine neue Nische für *Campylobacter* darstellt und dass durch diese Nische auch die Evolution der Keime vorangetrieben wird. Die Isolate aus

menschlichen Erkrankungen wurden hauptsächlich auf Keime aus dieser Nische zurückgeführt. Auch in England wurden vergleichbare Schlüsse gezogen. Es wurden Isolate von Wildvögeln, domestizierten Tieren und abiotischen Quellen verglichen. Dabei konnte ebenfalls eine Assoziation von unterschiedlichen *Campylobacter*-Stämmen mit jeweils verschiedenen Wildvögeln festgestellt werden. Bei den domestizierten Tieren jedoch wurden die gleichen Stämme bei unterschiedlichen Tieren nachgewiesen. Die ursprüngliche Wirtszuordnung dieser Keime war nicht möglich. Bemerkenswert ist, dass der gleiche Keim bei phylogenetisch weit voneinander entfernten Tieren nachgewiesen wurde. Die Autoren der Studie schildern als mögliches Szenario, dass die Wirtsspezifität phylogenetisch unterschiedlicher Erreger von ökologischen Faktoren abhängt. Diese Faktoren seien bei domestizierten Tieren anders und dadurch könnten phylogenetisch unterschiedliche Wirtstiere nah verwandte Keime beherbergen (Sheppard et al. 2011). Eine interessante Aspekte folgert Hughes et al. (2009) nach der Untersuchung von 36 Wildvogelisolaten. Dabei konnten sowohl wildvogelspezifische als auch nutztierspezifische Linien nachgewiesen werden. Aus der Tatsache, dass kein Nachweis von wildvogelspezifischen Isolate bei Nutztieren bekannt ist, folgern die Autoren, dass der Hauptinfektionsweg zwischen den untersuchten Tieren von Nutztieren zu Wildvögeln hin verläuft.

Auch bei Untersuchungen in England und Finnland konnte eine hohe

Wirtsspezifität der nachgewiesenen Keime festgestellt werden. Lediglich in Einzelfällen wurden Linien nachgewiesen, die auch beim Menschen vorkommen. Die Autoren folgerten eine geringe Bedeutung von Wildvögeln für die menschliche Gesundheit (Colles et al. 2008; Llerena et al. 2015). In den USA wurde in zwei Studien an Wildvögeln jeweils einem Fall ein Isolat gefunden, dass auch beim Menschen vorkommt. Die Autoren weisen darauf hin, dass der Infektionsweg vom Wildvogel auf den Menschen in beide Richtungen verlaufen kann. Der Nachweis eines humanpathogenen Keims bei einem Wildvogel könne auch durch eine Infektion des Tieres durch das Ausbringen unbearbeiteter Gülle verursacht werden (Keller und Shriver 2014; Rutledge et al. 2013). In Neuseeland wurden humane Isolate mit Wildvogelisolaten verglichen. Aus den Ergebnissen ergab sich, dass durch das Vorhandensein von Wildvogelkot auf Kinderspielflächen eventuell die *Campylobacter* Erkrankungen von Vorschulkindern zu erklären sei (French et al. 2009). Der Nachweis einer Beteiligung von Wildvögeln an einem *Campylobacter* Ausbruch gelang in den USA. Dort konnte erwiesen werden, dass es bei Menschen durch den Verzehr von rohen Erbsen, die zuvor durch Kanadakrahnchen kontaminiert wurden, zur Erkrankung kam (Kwan et al. 2014).

Betrachtet man die Ergebnisse dieser Studie sowie die Erkenntnisse der letzten Jahre, birgt *Campylobacter spp.* von den drei untersuchten Keimen das größte Risiko für die menschliche Gesundheit. Zweifelsohne können Wildvögel *Campylobacter sp.* beherbergen und



diese Keime auch ausscheiden. Es hängt jedoch vermutlich von mehreren Faktoren ab, ob es beim Menschen in der Folge auch zur Erkrankung kommt. Neben der Keimzahl spielen wahrscheinlich auch Wirtsspezifität, Immunitätslage und Umweltfaktoren eine Rolle. Durch die hier durchgeführten Untersuchungen können Wildvögel als Erregerreservoir für die Infektion von Geflügelbeständen, Trinkwasserquellen und landwirtschaftlich erzeugten Agrarprodukten sowie für die Kontamination von Grünflächen nicht ausgeschlossen werden. Jedoch legt der aktuelle Forschungsstand als Grundursache eher eine Evolution der Erregersequenztypen nahe, die in der intensiven Nutztierhaltung wurzelt und sich sekundär auf Wildvögel auswirkt. Weitere Untersuchungen mittels MLST und Gensequenzierungen sowie der Vergleich von *Campylobacter*-Isolaten von Wildvögeln, Nutztieren und Menschen würden weitere Einblicke in die Infektketten eröffnen.

#### **4.3.1.3. *Chlamydia* sp.**

Die in dieser Studie ermittelte Befallsrate von 1,3% (n= 320, KI95%: 0,5 - 3,25%) unter den erlegten Tieren steht im Einklang mit den Ergebnissen einiger anderer Forschungsarbeiten (Blomqvist et al. 2012; Krawiec et al. 2015; Madani und Peighambari 2013; Zweifel et al. 2009; Bönner et al. 2004).

Bei zwei Ausbrüchen von *Chlamydia psittaci* beim Menschen ist ein

Zusammenhang mit Wildvögeln nachgewiesen worden (Rehn et al. 2013; Telfer et al. 2005). Nach der Erkrankung von 25 Menschen innerhalb von vier Monaten in Schweden wurde eine Fall-Kontroll-Studie initiiert. Nach dem PCR Nachweis von *Chlamydia psittaci* konnte eine statistische Korrelation zwischen Wildvogelexposition und der Erkrankung an Psittakose hergestellt werden (Rehn et al. 2013). In Australien erkrankten 59 Personen an Chlamydiose und durch eine Fall-Kontroll-Studie konnte auch hier ein Zusammenhang mit Wildvögeln hergestellt werden. Das Blut von betroffenen Menschen wurde durch Antigen- und Antikörperuntersuchungen analysiert. Als Risikofaktoren wurden außer Wildvogelkontakt der Wohnsitz und das Alter der betroffenen Menschen sowie Rasenmähen ohne Grasfangeinrichtung identifiziert (Telfer et al. 2005). Auch auf den Färöer Inseln kam es zwischen 1930 und 1938 zu vermehrten Chlamydiose-Fällen. Durch experimentelle Arbeit wurden der Fang und die Zubereitung juveniler Eissturmvögel als Infektionsursache identifiziert. Eine aktuelle Untersuchung stellte mittels PCR und Gensequenzierung eine Prävalenz von 10% unter 431 untersuchten Jungvögeln fest. Die Ergebnisse der Genanalysen führten zu der Theorie, dass die Eissturmvögel sich damals bei toten, infizierten, sowie über Bord geworfenen Papageien angesteckt haben könnten. Aufgrund der Tatsache, dass jährlich bis zu 100.000 juvenile Tiere zubereitet werden und es nicht regelmäßig zu Ausbrüchen oder Erkrankungen kommt, folgern die Autoren eine sehr niedrige Gefährdung für die menschliche Gesundheit (Herrmann et al. 2006).

In Frankreich wurden Entenbestände untersucht, nachdem bei fünf Menschen, die mit diesen Betrieben in Verbindung standen, schwere Erkrankungen auftraten. Während die serologischen Untersuchungen keine Erkenntnisse erbrachten, konnte durch Sequenzierung des *ompA* Gens nachgewiesen werden, dass es sich bei Menschen und Enten um das gleiche Isolat handelte (Laroucau et al. 2009).

Bei einer Studie im Iran wurden 253 Vögel aus 27 Spezies untersucht. Es kamen lediglich acht Proben von Wassergeflügel zur Untersuchung, die mittels Real Time PCR und Gensequenzierung vorgenommen wurde. Bei diesen Tieren konnten keine Chlamydiennachweise erbracht werden, jedoch ist die Aussagekraft der Studie in Bezug auf Wassergeflügel aufgrund der geringen Probenzahl eingeschränkt (Madani und Peighambari 2013). In Deutschland wurden 289 Grauganseier auf das Vorkommen von Chlamydien sowie Chlamydien Antigene mittels PCR untersucht. Weder Keimstrukturen noch Antigene konnten festgestellt werden (Bönner et al. 2004). Bei der Untersuchung von 497 Zugvögeln aus Feuchtgebieten in Schweden wurden auch 349 Stockenten mittels Kloakentupfern beprobt. Es wurden sowohl PCR Untersuchungen als auch Gensequenzierungen vorgenommen. Bei 1,2% ( $n = 6$ ) aller untersuchten Tiere sowie bei 0,9% ( $n = 3$ ) der untersuchten Stockenten konnte Chlamydien DNA festgestellt werden (Blomqvist et al. 2012). In der Schweiz wurden 442 Wasservögel ebenfalls mittels Real Time PCR Methoden sowie Gensequenzierungen untersucht. Dabei konnte Chlamydien DNA bei

19 Tieren festgestellt werden. Die Befallsrate betrug 4,3% (Zweifel et al. 2009). Ebenso vergleichbar waren die Ergebnisse einer Studie in Polen an 894 Wildvögeln aus 35 Spezies. Die Prävalenz unter allen untersuchten Tieren lag bei 7,3% ( $n = 27$ ), wohingegen bei wild lebendem Wassergeflügel die Nachweisrate bei 5,4% ( $n = 15$ ) und bei den 120 untersuchten Stockenten bei 4,2% ( $n = 5$ ) lag.

Deutlich höhere Befallszahlen wurden bei Studien in Frankreich und Polen ermittelt (Aaziz et al. 2015; Szymanska-Czerwinska et al. 2017). Die Untersuchungen in Frankreich wurden an 195 erkrankten beziehungsweise verletzten Seevögeln durchgeführt. Bei den durchgeführten Real Time PCRs von Kloakentupfern wurde eine Befallsrate von 18,5% festgestellt. Da es sich bei den untersuchten Tieren jedoch um durch Verletzungen oder Erkrankungen vorselektierte Tiere handelte, sowie die Tatsache, dass es sich um Seevögel handelte, ist die Repräsentativität sowie die Vergleichbarkeit der untersuchten Tiere fraglich (Aaziz et al. 2015). Bei der Untersuchung in Polen an 894 Wildvögeln aus 16 Wildvogelfamilien wurden Kloaken- und Kottupfer mittels Real Time PCR und Gensequenzierungen analysiert. Die ermittelte Prävalenz für alle untersuchten Tiere betrug 14,8%, für die einbezogenen Enten 19,7%. Dies stellte die höchste Prävalenz unter allen untersuchten Tierarten dar. Auch bei dieser Untersuchung wurden neben eingefangenen auch vorübergehend in Rehabilitationszentrum untergebrachte Tiere

untersucht, wobei der Anteil der hospitalisierten Tiere nicht angegeben wird. Daher kann die Repräsentativität der Studie schwierig eingeschätzt werden (Szymanska-Czerwinska et al. 2017).

Neben der bloßen Bestimmung von Prävalenzen bei verschiedenen Tierarten gewinnt die Speziesdifferenzierung und Sequenzierung der Chlamydien immer mehr an Bedeutung. Wie in dieser Studie finden sich an mehreren Stellen in der Literatur ähnliche Befunde von nicht näher bestimmbaren Chlamydien (Aaziz et al. 2015; Blomqvist et al. 2012; Krawiec et al. 2015; Madani und Peighambari; Madani und Peighambari 2013; Zweifel et al. 2009). In solchen Fällen kann das humanpathogene Potenzial dieser Keime nicht eingeschätzt werden. So konnte auch bei den auf der Jagd erlegten Tieren dieser Studie nur bei einem von vier Tieren, bei welchen Chlamydien isoliert wurden, eine Speziesbestimmung erfolgreich durchgeführt werden. Bei drei Tieren war der im Referenzlabor ermittelte Ct-Wert zu hoch, was für eine zu geringe Menge an Chlamydien DNA in der Probe spricht. Dadurch war eine Speziesdifferenzierung nicht möglich. Bei den isolierten Chlamydien aus dem Kloakentupfer der Gans konnte eine 99%ige Homologie zu *Chlamydia abortus* Genotyp G2 festgestellt werden. Dieser Genotyp wurde erstmalig 2012 von Blomqvist et al. bei Stockenten in Schweden festgestellt, 2017 wurde er in Polen von Szymanska-Czerwinska et al. (2017) bei Enten- und Rabenvögeln erstmals isoliert. Bisher wurde dieser Keim als *Chlamydia psittaci* eingestuft. Die molekulare Charakterisierung sowie phylogenetische

Analysen ergaben jedoch, dass das Isolat phylogenetisch näher an *Chlamydia abortus*-Stämmen liegt, die bei Säugetieren isoliert wurden als an *Chlamydia psittaci*-Stämmen von Vögeln. Daher sprachen sich die Autoren für eine Ausweitung der Spezies *Chlamydia abortus* aus, um neben den bisher bekannten Säugerisolaten auch Vogelisolats mit einzuschließen, die bisher als atypische Chlamydienstämme oder als *Chlamydia psittaci/Chlamydia abortus* Zwischenglieder bezeichnet wurden (Szymanska-Czerwinska et al. 2017). Das humanpathogene Potenzial dieses Keims kann aufgrund der erst kurz zurückliegenden Entdeckung nicht eingeschätzt werden. Elmberg et al. (2017) ziehen aus den bisherigen Erkenntnissen zu Chlamydien bei Wildgänsen den Schluss, dass sie die Keime zwar beherbergen können, es jedoch keinen Beweis dafür gibt, dass sie eine relevante Infektionsquelle für Wirtschaftsgeflügel, Vieh oder Menschen darstellen. In der Literatur werden 50-80% der menschlichen Chlamydiosefällen Ziervögeln zugeschrieben (Rolle und Mayr 2007; Dedié et al. 1993). In Dänemark wurden hierzu Untersuchungen angestellt, dabei wurden Papageien und Kanarienvögel vor Tauben, Hühnern und Enten als Hauptinfektionsquelle des Menschen identifiziert. Es geht nicht eindeutig aus den Artikeln hervor, dass keine Wildenten beteiligt waren, jedoch deuten die Schilderungen darauf hin, dass es sich ausschließlich um domestizierte Enten gehandelt hat (Rønne 2000). Ergänzend wurden auch Sektionsstatistiken von Ziervögeln aus Deutschland und der Schweiz (Mommer 2002; Albicker-Rippinger und Hoop 1999) bei einem Heimtiersymposium betrachtet. Bei 4,3–5,2%

der untersuchten Ziervögel konnten Chlamydien festgestellt werden (Kaleta et al. 2002). Jedoch ist anzumerken, dass bei den in Deutschland durchgeführten Untersuchungen STAMP Färbung und Immunfluoreszenz eingesetzt wurden. Aus den Material- und Methoden Angaben wird nicht klar, ob die verwendeten Testkits sich nach der im Jahr 2000 von Everett eingeführten Taxonomie richteten. Es muss davon ausgegangen werden, dass es sich bei den nachgewiesenen Erregern nicht nur um *Chlamydia psittaci*, sondern auch um *Chlamydia abortus*, *caviae* oder *felis* gehandelt haben könnte. Diese zählten zuvor gemeinsam zu *Chlamydia psittaci*. Da bei der Arbeit aus der Schweiz keine Angaben zu den Untersuchungsmethoden gemacht wurden, ist auch hier von einem Nachweis von *Chlamydia psittaci* „im weiteren Sinn“ auszugehen.

Das Robert Koch Institut geht davon aus, dass die Verhältnisse in Dänemark auch in Deutschland zutreffen und somit Psittaciden auch hier die Hauptüberträger auf den Menschen sind (Robert Koch Institut 2007).

Zusammenfassend legt die niedrige Nachweisrate von Chlamydien bei wildlebendem Wassergeflügel in Bayern ein sehr niedriges Infektionsrisiko nahe. Dies spiegelt sich auch in lediglich 2 Fällen von Chlamydiose beim Menschen der letzten Jahre wieder, die möglicherweise auf einen vorangegangenen Wildvogelkontakt zurückgeführt wurden (Robert Koch Institut 2016a, 2017). Auch hier würden weitere MLST-Analysen sowie Gensequenzierungen, wie sie

von Szymanska-Czerwinska et al. (2017) durchgeführt wurden, im Vergleich mit humanen Isolaten weitere wichtige Erkenntnisse liefern.

#### 4.3.2. Kliniktiere

Bei den Wildvögeln, die als Patienten in eine Tierklinik eingeliefert wurden, lag die Nachweisrate von *Campylobacter jejuni* mit 6,3% in einer ähnlichen Höhe wie für Tiere, die auf der Jagd erlegt wurden. Für *Chlamydia* sp. hingegen konnte eine signifikant höhere Nachweisrate bei Kliniktieren (14,3%, KI 95%: 3,9 - 22,1%) im Vergleich zu den auf der Jagd erlegten Tieren (1,7%, KI 95%: 0,4 - 2,6%) festgestellt werden. Salmonellen und *Campylobacter coli* wurden bei den Wildvogelpatienten nicht nachgewiesen.

Die Tiere wurden aufgrund von Verletzungen oder Erkrankungen eingeliefert. Die signifikant höhere Nachweisrate (14,3%) von Chlamydien sind vergleichbar mit den Befunden von Aaziz et al. (2015), jedoch handelte es sich dabei um Untersuchungen von Meeresvögeln, die in ein Wildtierrettungszentrum eingeliefert wurden. Zu Meeresvögeln gehören weitaus mehr Spezies als zu den in Bayern vorkommenden Wasservögeln, daher sind die Zahlen nur eingeschränkt vergleichbar. Hier betrug die Nachweisrate 18,5%. In der Studie wurden jedoch keine Proben von wild lebenden, nicht hospitalisierten Tieren entnommen. Daher ist ein direkter Vergleich der Ergebnisse nicht möglich. Die Nachweise in ähnlicher Höhe könnten jedoch in verschiedener Art als Hinweise interpretiert werden. Ein mögliches Szenario ist, dass Tiere, die durch Chlamydien



erkranken, einem höheren Risiko ausgesetzt sind, durch Raubtiere oder Traumata Verletzungen zu erleiden, da ihre Fluchtmöglichkeit durch die Symptome der Erkrankung eingeschränkt ist. Diese Überlegung verdeutlicht die Bedeutung des Grundsatzes, dass Wildtiere, die aus anderen Gründen als einer Erlegung zu Tode gekommen sind, grundsätzlich nicht als Lebensmittel geeignet sind. Das Inverkehrbringen von nicht erlegtem Wild stellt eine Straftat nach §23 Abs. 1 Nr. 9 der Tierischen Lebensmittel-Hygieneverordnung dar. Andererseits ist auch denkbar, dass verletzte Wildvögel durch Beutegreifer wie beispielsweise Katzen erst mit Chlamydien infiziert werden beziehungsweise durch eine primäre Verletzung oder Traumata anfälliger für Infektionen sind. Der Nachweis von Chlamydien und Salmonellen bei einer auf der Jagd erlegten Ente in dieser Studie würde sich in dieses Szenario einfügen. Das tatsächliche Geschehen wird sich nicht mehr mit Sicherheit aufklären lassen. Auf jeden Fall sollten aufgefundene Tiere – egal ob noch lebend oder bereits verstorben – unter Beachtung von Hygienemaßnahmen verbracht werden. Für die Einlieferung in eine Tierklinik oder das Verbringen in die Tierkörperverwertung oder Konfiskat-Tonne empfiehlt sich aufgrund der erhöhten Nachweisrate von Chlamydien die Verwendung von Einmalhandschuhen. Dies gilt sowohl für Jäger und andere Personen, die verletzte Vögel auffinden, als auch für Mitarbeiter der häufig hinzugezogenen Feuerwehr und Tierrettung sowie behandelnde Tierärzte und Klinikangestellte.

Die Ergebnisse dieser Studie entsprechen zum Teil einer Risikoanalyse aus England, laut der der Umgang mit beziehungsweise der Verzehr von Federwild sowie speziell von Wildenten eine geringe bis nicht zu vernachlässigende Infektionsgefahr mit *Salmonella* sp., *Campylobacter* sp., und *Chlamydia* sp. birgt (Coburn et al. 2005). Belastbare Zahlen von Erkrankungen des Menschen durch Wasserwild sind in der Literatur nicht existent. Im Sinne des Verbraucherschutzes soll diese Studie einen ersten Einblick in die Belastung des heimischen Wasserwilds mit humanpathogenen Keimen liefern. Für die Feststellung der tatsächlichen Belastung der gesamten, zumindest zeitweise in Bayern heimischen Wasserwildpopulation sind Studien mit einer größeren Stichprobenzahl für jede der vorkommenden Spezies nötig. Die Nachweise von humanpathogenen Keimen in bayerischem Wassergeflügel rechtfertigen jedoch Präventionsmaßnahmen wie die sorgfältige Organbeurteilung beim Auswerfen (Ausweiden) sowie die Einhaltung küchenhygienischer Standards. Zumindest aus nicht durchgegartem Speisen, Rohprodukten und aus möglichen Kreuzkontaminationen in der Küche resultiert ein nicht zu vernachlässigendes Risiko. Dies gilt insbesondere für die Gruppe der sogenannten YOPI (young, old, pregnant, immunodeficient). Dabei handelt es sich um Menschen, die durch verminderte Abwehrkräfte einem höheren Infektionsrisiko ausgesetzt sind.

## 5. ZUSAMMENFASSUNG

Ziel der Studie war es, einen Einblick in die bakterielle Belastung von Wasserwild in Bayern zu erlangen. Mithilfe von Salmonellenanreicherung sowie Real-time PCR wurden Kloakentupfer- sowie Organproben von 320 erlegten sowie 32 hospitalisierten Wildwassservögeln auf lebensmittelrelevante Keime hin untersucht. Die festgestellten Nachweisraten dieser Studie legen eine geringgradige, jedoch nicht zu unterschätzende Belastung des wildlebenden Wassergeflügels mit humanpathogenen Bakterien in Bayern nahe. Für Chlamydien und Salmonellen stellen die untersuchten Tiere ein mögliches Reservoir dar, die Beteiligung an Transport sowie der Epidemiologie der Erreger muss durch weitere Untersuchungen geklärt werden. Im Rahmen der Aussagekraft, die die Probenzahl der Studie zulässt, scheint für eine direkte Übertragung auf den Menschen eine geringe Gefährdungslage zu bestehen.

*Campylobacter coli* konnte in keiner der Proben nachgewiesen werden, daher scheint es, dass von Wasserwild in Bezug auf diesen Keim keine Gefahrenmomente ausgehen. *Campylobacter jejuni* jedoch wurde bei 9,4% der auf der Jagd erlegten Tiere sowie bei 6,3% der Kliniktiere festgestellt. Es hat den Anschein, dass dieser Keim auch in Bayern relativ häufig bei Wassergeflügel vorkommt. Daher empfehlen wir präventive Maßnahmen wie das grundsätzliche Durchgaren von Wildgeflügel sowie die Vermeidung von Kreuzkontaminationen in der

Küche.

## 6. SUMMARY

The study was designed to get an overview of the bacterial load in Bavarian waterfowl. Cloacal swabs and tissue samples of 320 bagged and 32 hospitalized animals were tested for human-pathogenic bacteria, using salmonella enrichment methods and Real-time PCR technique. Our study revealed a low but significant bacterial load in Bavarian waterfowl. Our regional animals are a potential reservoir for *Chlamydia* sp. and *Salmonella* sp. Since *Campylobacter coli* was not found in any sample it seems that waterfowl does not represent a risk for transfer of this agent. *Campylobacter jejuni* however was detected in 9.6% of bagged animals and in 6.3% of animals from the clinic, indicating this germ is fairly common among waterfowl in Bavaria.

Therefore preventive measures such as roasting gamebird meat well done and avoiding cross contamination in the kitchen are recommended. With respect to the limited validity of this study, given the small sample size, a direct transfer to humans seems very unlikely. Further studies are necessary to determine the role of these agents in transfer and epidemiology.



## 7. LITERATURVERZEICHNIS

- Aaziz, R., P. Gourlay, F. Vorimore, K. Sachse, V. I. Siarkou, und K. Laroucau. 2015. Chlamydiaceae in North Atlantic Seabirds Admitted to a Wildlife Rescue Center in Western France. *Applied and Environmental Microbiology* 81 (14): 4581–4590. doi: 10.1128/AEM.00778-15.
- Albicker-Rippinger, P., und R. K. Hoop. 1999. Krankheitsursachen bei Papageienvögeln (Psittaciformes) und Sperlingsvögeln (Passeriformes). Eine Sektionsstatistik. *Tierärztliche Praxis* 27: 245–254.
- Becker, Werner, Walther Menk, und Kurt Bauer (eds.). 1992. *Zoonosen-Fibel. Zwischen Tier und Mensch übertragbare Krankheiten*, 3rd edn. Berlin: Hoffmann.
- Bessell, Paul R., Ovidiu Rotariu, Giles T. Innocent, Alison Smith-Palmer, Norval J. C. Strachan, Ken J. Forbes, John M. Cowden, Stuart W. J. Reid, und Louise Mathews. 2012. Using sequence data to identify alternative routes and risk of infection: a case-study of campylobacter in Scotland.(Research article)(Report) 12 (80).
- Bezzel, Einhard. 1972. *Wildenten*. München: BLV.
- BfR. 2013. Fachgespräch „Wildbrethygiene“ am 20. März 2013: Information des BfR vom 19. Juni 2013.
- Blomqvist, Maria, Linus Christerson, Jonas Waldenström, Björn Herrmann, und Björn Olsen. 2012. Chlamydia psittaci in Swedish Wetland Birds: A Risk to Zoonotic Infection? *Avian Diseases* 56 (4):

737–740.

- Bönner, Brigitte M., Walburga Lutz, Sabine Jäger, T. Redmann, B. Reinhardt, U. Reichel, V. Krajewski, R. Weiss, J. Wissing, W. Knickmeier, W. H. Gerlich, Ulrike C. Wend, und E. F. Kaleta. 2004. Do Canada geese (*Branta canadensis* Linnaeus, 1758) carry infectious agents for birds and man? *European Journal of Wildlife Research* 50 (2). doi: 10.1007/s10344-004-0044-1.
- Bundesinstitut für Risikobewertung. 2015. *EU-Zoonosenbericht: Zahl der Campylobacteriose-Fälle unverändert hoch, weitere Zunahme bei Listeriosen. Mitteilung Nr. 004/2015 des BfR vom 17. Februar 2015.*
- Casanovas, L., M. de Simón, M. D. Ferrer, J. Arqués, und G. Monzón. 1995. Intestinal carriage of campylobacters, salmonellas, yersinias and listerias in pigeons in the city of Barcelona. *Journal of applied bacteriology* 78 (1): 11–13.
- Coburn, H. L., E. L. Snary, L. A. Kelly, und M. Wooldridge. 2005. Qualitative risk assessment of the hazards and risks from wild game. *Veterinary Record* 157 (11): 321–322. doi: 10.1136/vr.157.11.321.
- Cody, Alison J., Noel D. McCarthy, James E. Bray, Helen M. L. Wimalarathna, Frances M. Colles, Melissa J. van Jansen Rensburg, Kate E. Dingle, Jonas Waldenström, und Martin C. J. Maiden. 2015. Wild bird-associated *Campylobacter jejuni* isolates are a consistent source of human disease, in Oxfordshire, United Kingdom. *Environmental microbiology reports* 7 (5): 782–788. doi:



10.1111/1758-2229.12314.

Colles, F. M., K. E. Dingle, A. J. Cody, und M. C. J. Maiden. 2008. Comparison of *Campylobacter* Populations in Wild Geese with Those in Starlings and Free-Range Poultry on the Same Farm. *Applied and Environmental Microbiology* 74 (11): 3583–3590. doi: 10.1128/AEM.02491-07.

Colles, Frances M., Jan S. Ali, Samuel K. Sheppard, Noel D. McCarthy, und Martin C. J. Maiden. 2011. *Campylobacter* populations in wild and domesticated Mallard ducks (*Anas platyrhynchos*). *Environmental microbiology reports* 3 (5): 574–580. doi: 10.1111/j.1758-2229.2011.00265.x.

Conraths, F. J., L. Geue, M. H. Groschup, I. Hänel, K. Henning, H. Köhler, F. Melzer, U. Methner, I. Moser, T. Müller, A. Raßbach, K. Sachse, G. Schares, F. Schulz, K. Tackmann, O. Werner, und T. C. Mettenleiter. 2004. Zoonosen der Nutz- und Wildtiere und ihre Bedeutung in Deutschland: Eine Übersicht. *Bundesgesundheitsblatt - Gesundheitsforschung - Gesundheitsschutz* 47 (7): 633–646. doi: 10.1007/s00103-004-0866-8.

Dedié, Kurt, Jochen Bockemühl, Kühn, Hermann, Volkmer, Klaus-Jörg, und Thomas Weinke. 1993. *Bakterielle Zoonosen bei Tier und Mensch. Epidemiologie, Pathologie, Klinik, Diagnostik und Bekämpfung*. Stuttgart: Enke.

Deutz, A., und J. Köfer. 2000. Niederwild (Fuchs, Feldhase, Fasan und Ente) als Träger von Zoonose-Erregern: Small game (Fox, Brown

- Hare, Pheasant and Duck) as carriers of zoonoses. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 113 (11/12): 401–406.
- Deutz, A., J. Köfer, und P. Pless. 1999. Beitrag zur Lebensmittelhygienischen Unbedenklichkeit von Kleinwild (Hasen, Fasane, Enten). In *40. Arbeitstagung des Arbeitsgebietes Lebensmittelhygiene*, ed. DVG, 351–355.
- Ebner, Heidi. 2012. Parasitologische und virologische Analyse von Gänsekot in urbanen Habitaten mit Fokus auf das Naherholungsgebiet Englischer Garten. Bachelor Thesis Studiengang Biologie BSc., TU-München, München.
- Elmberg, Johan, Charlotte Berg, Henrik Lerner, Jonas Waldenström, und Rebecca Hessel. 2017. Potential disease transmission from wild geese and swans to livestock, poultry and humans: a review of the scientific literature from a One Health perspective. *Infection ecology & epidemiology* 7 (1). doi: 10.1080/20008686.2017.1300450.
- Essig, Andreas. 2009. Chlamydia psittaci. In *Lexikon der Infektionskrankheiten des Menschen*, ed. Gholamreza Darai, Michaela Handermann, Hans-Günther Sonntag, ChristianA Tidona and Lothar Zöller, 161–163: Springer Berlin Heidelberg.
- Everett, K. D., R. M. Bush, und A. A. Andersen. 1999. Emended description of the order Chlamydiales, proposal of Parachlamydiaceae fam. nov. and Simkaniaceae fam. nov., each containing one monotypic genus, revised taxonomy of the family Chlamydiaceae, including a new genus and five new species, and

- standards for the identification of organisms. *International journal of systematic bacteriology* 49 Pt 2: 415–440. doi: 10.1099/00207713-49-2-415.
- Everett, Karin D.E. 2000. Chlamydia and Chlamydiales: more than meets the eye. *Veterinary microbiology* 72 (2): 109–126.
- Fallacara, D. M., C. M. Monahan, T. Y. Morishita, and R. F. Wack. 2001. Fecal Shedding and Antimicrobial Susceptibility of Selected Bacterial Pathogens and a Survey of Intestinal Parasites in Free-Living Waterfowl. *Avian Diseases* 45 (1): 128–135. doi: 10.2307/1593019.
- Feare, C. J., M. F. Sanders, R. Blasco, und J. D. Bishop. 1999. Canada goose (*Branta canadensis*) droppings as a potential source of pathogenic bacteria. *The Journal of The Royal Society for the Promotion of Health* 119 (3): 146–155.
- FLI. 2014. Amtliche Methodensammlung: Campylobacteriose: thermophile Campylobacter. Accessed 20 June 2017.
- French, Nigel P., Anne Midwinter, Barbara Holland, Julie Collins-Emerson, Rebecca Pattison, Frances Colles, und Philip Carter. 2009. Molecular Epidemiology of Campylobacter jejuni Isolates from Wild-Bird Fecal Material in Children's Playgrounds. *Applied and Environmental Microbiology* 75 (3): 779–783.
- Fuchs, Georg (ed.). 2014. *Allgemeine Mikrobiologie*, 9th edn. Stuttgart: Thieme.
- Gillespie, Iain A., Sarah J. O'Brien, Jennifer A. Frost, Goutam K. Adak, Peter Horby, Anthony V. Swan, Michael J. Painter, und Keith R.

- Neal. 2002. A case-case comparison of *Campylobacter coli* and *Campylobacter jejuni* infection: a tool for generating hypotheses. *Emerging infectious diseases* 8 (9): 937–942. doi: 10.3201/eid0809.010187.
- Glünder, G., und R. Weber. 2000. *Campylobacter* beim Geflügel: Eine Übersicht über die Bedeutung und Bekämpfungsmöglichkeiten. *Lohmann Information* (4): 1–10.
- Görgen, Armin. 2018. *Wildvogelvorkommen Bayern*: Bayerisches Landesamt für Umwelt.
- Griekspoor, Petra, Frances M. Colles, Noel D. McCarthy, Philip M. Hansbro, Chris Ashhurst-Smith, Björn Olsen, Dennis Hasselquist, Martin C. J. Maiden, und Jonas Waldenström. 2013. Marked host specificity and lack of phylogeographic population structure of *Campylobacter jejuni* in wild birds. *Molecular ecology* 22 (5): 1463–1472. doi: 10.1111/mec.12144.
- Guo, Weina, Jing Li, Bernhard Kaltenboeck, Jiansen Gong, Weixing Fan, und Chengming Wang. 2016. *Chlamydia gallinacea*, not *C. psittaci*, is the endemic chlamydial species in chicken (*Gallus gallus*). *Scientific Reports* 6 (19638). doi: 10.1038/srep19638.
- Guthrie, Rufus K. 1992. *Salmonella*. Boca Raton u.a.: CRC Press.
- Hald, Birthe, Marianne Nielsine Skov, Eva Møller Nielsen, Carsten Rahbek, Madsen, Jesper Johannes, Maichael Wainø, Mariann Chriél, Steen Nordentoft, Dorte Lau Baggesen, und Mogens Madsen. 2016. *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* in wild birds on Danish livestock farms. *Acta Veterinaria Scandinavica*

- 58 (11). doi: 10.1186/s13028-016-0192-9.
- Harkinezhad, Taher, Tom Geens, und Daisy Vanrompay. 2009. Chlamydophila psittaci infections in birds: a review with emphasis on zoonotic consequences. *Veterinary microbiology* 135 (1-2): 68–77. doi: 10.1016/j.vetmic.2008.09.046.
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, und A. Käsbohrer. 2016. *Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2014*.
- Herrmann, Björn, Heléna Persson, Jens-Kjeld Jensen, Høgne Debes Joensen, Markus Klint, und Björn Olsen. 2006. Chlamydophila psittaci in Fulmars, the Faroe Islands. *Emerging infectious diseases* 12 (2): 330–332. doi: 10.3201/eid1202.050404.
- Hiepe, Theodor, und Horst Aspöck (eds.). 2006. *Allgemeine Parasitologie. Mit den Grundzügen der Immunbiologie, Diagnostik und Bekämpfung ; 34 Tabellen*, 1st edn. Stuttgart: Parey.
- Hughes, Laura A., Malcolm Bennett, Peter Coffey, John Elliott, Trevor R. Jones, Richard C. Jones, Angela Lahuerta-Marin, A. Howard Leatherbarrow, Kenny McNiffe, David Norman, Nicola J. Williams, und Julian Chantrey. 2009. Molecular epidemiology and characterization of Campylobacter spp. isolated from wild bird populations in northern England. *Applied and Environmental Microbiology* 75 (10): 3007–3015. doi: 10.1128/AEM.02458-08.
- Jaworek, J. K. 2012. Bakteriologische Untersuchungen an Grauganskot in urbanen Naherholungsgebieten mit besonderem Fokus auf den Englischen Garten. Bachelor Thesis Studiengang Biologie BSc., TU-München, München.

- Kalchreuter, Heribert. 2000. *Das Wasserwild. Verbreitung und Lebensweise - Jagdliche Nutzung und Erhaltung*, 2nd edn. Stuttgart: Kosmos.
- Kaleta, E. F., Ingrid Beck, Brigitte Bönner, Heike Nüchter, Rachel E. Marschang, und T. Redmann. 2002. Bedeutung von Chlamydia spp. aus Ziervögeln für die Gesundheit des Menschen. In *Symposium: Heimtiere als Überträger humanpathogener Infektionserreger: Teil 1 - Bakterielle Zoonosen*: Springer-Verlag.
- Kapperud, G., und O. Rosef. 1983. Avian Wildlife Reservoir of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni*, *Yersinia* spp., and *Salmonella* spp. in Norway. *Applied and Environmental Microbiology* 45 (2): 375–380.
- Keller, Judith I., und W. Gregory Shriver. 2014. Prevalence of three campylobacter species, *C. jejuni*, *C. coli*, and *C. lari*, using multilocus sequence typing in wild birds of the Mid-Atlantic region, USA. *Journal of wildlife diseases* 50 (1): 31–41. doi: 10.7589/2013-06-136.
- Kobayashi, Hideki, Mika Kanazaki, Yuka Shimizu, Hiromi Nakajima, Mst Minara Khatun, Eiji Hata, und Masanori Kubo. 2007. *Salmonella* isolates from cloacal swabs and footpads of wild birds in the immediate environment of Tokyo Bay. *The Journal of veterinary medical science* 69 (3): 309–311.
- König, Andreas, Anke Kleinhenz, Christiane Hof, und Nina Carstensen. 2013. Ökologie und Management von Wildgänsen in Bayern, TU München, München.

- Krämer, Johannes. 2011. *Lebensmittel-Mikrobiologie. 48 Tabellen*, 6th edn. UTB, vol. 1421. Stuttgart: Ulmer.
- Krawiec, Marta, Tomasz Piasecki, und Alina Wieliczko. 2015. Prevalence of *Chlamydia psittaci* and Other *Chlamydia* Species in Wild Birds in Poland. *Vector-borne and zoonotic diseases* 15 (11): 652–655. doi: 10.1089/vbz.2015.1814.
- Kwan, Patrick S. L., Catherine Xavier, Monica Santovenia, Janet Pruckler, Steven Stroika, Kevin Joyce, Tracie Gardner, Patricia I. Fields, Joe McLaughlin, Robert V. Tauxe, und Collette Fitzgerald. 2014. Multilocus sequence typing confirms wild birds as the source of a *Campylobacter* outbreak associated with the consumption of raw peas. *Applied and Environmental Microbiology* 80 (15): 4540–4546.
- Kwon, Yong-Kuk, Jae-Young Oh, Ok-Mi Jeong, Oun-Kyoung Moon, Min-Su Kang, Byeong-Yeal Jung, Byung-Ki An, So-Youn Youn, Hye-Ryoung Kim, Il Jang, und Hee-Soo Lee. 2017. Prevalence of *Campylobacter* species in wild birds of South Korea. *Avian pathology : journal of the W.V.P.A* 46 (5): 474–480. doi: 10.1080/03079457.2017.1315048.
- Laroucau, Karine, Bertille de Barbeyrac, Fabien Vorimore, Maïthé Clerc, Claire Bertin, Taher Harkinezhad, Kristel Verminnen, Françoise Obeniche, Isabelle Capek, Christiane Bébéar, Benoit Durand, Gina Zanella, Daisy Vanrompay, Bruno Garin-Bastuji, und Konrad Sachse. 2009. Chlamydial infections in duck farms associated with human cases of psittacosis in France. *Veterinary*

- microbiology* 135 (1-2): 82–89. doi: 10.1016/j.vetmic.2008.09.048.
- Lillehaug, A., C. Monceyron Jonassen, B. Bergsjø, M. Hofshagen, J. Tharaldsen, L. L. Nesse, und K. Handeland. 2005. Screening of Feral Pigeon (*Colomba livia* ), Mallard (*Anas platyrhynchos* ) and Graylag Goose (*Anser anser* ) Populations for *Campylobacter* spp., *Salmonella* spp., Avian Influenza Virus and Avian Paramyxovirus. *Acta Veterinaria Scandinavica* 46 (4): 193–202.
- Llarena, A-K, C. P. A. Skarp-de Haan, M. Rossi, und M-L Hänninen. 2015. Characterization of the *Campylobacter jejuni* population in the barnacle geese reservoir. *Zoonoses and public health* 62 (3): 209–221. doi: 10.1111/zph.12141.
- Luechtefeld, Nancy A. W., M. J. Blaser, L. B. Reller, und W. L. Wang. 1980. Isolation of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni* from Migratory Waterfowl. *Journal of Clinical microbiology* 12 (3): 406–408.
- Madani, S. A., und S. M. Peighambari. PCR-based diagnosis, molecular characterization and detection of atypical strains of avian *Chlamydia psittaci* in companion and wild birds: PCR-based diagnosis, molecular characterization and detection of atypical strains of avian *Chlamydia psittaci* in companion and wild birds.
- Madani, S. A., und S. M. Peighambari. 2013. PCR-based diagnosis, molecular characterization and detection of atypical strains of avian *Chlamydia psittaci* in companion and wild birds. *Avian pathology : journal of the W.V.P.A* 42 (1): 38–44. doi:



10.1080/03079457.2012.757288.

Mitchell, T. R., und T. Ridgwell. 1971. The frequency of salmonellae in wild ducks. *Journal of medical microbiology* 4 (3): 359–361. doi: 10.1099/00222615-4-3-359.

Mohan, Vathsala. 2015. Faeco-prevalence of *Campylobacter jejuni* in urban wild birds and pets in New Zealand. *BMC research notes* 8: 1. doi: 10.1186/1756-0500-8-1.

Mohan, Vathsala, Mark Stevenson, Jonathan Marshall, Paul Fearnhead, Barbara R. Holland, Grant Hotter, und Nigel P. French. 2013. *Campylobacter jejuni* colonization and population structure in urban populations of ducks and starlings in New Zealand. *MicrobiologyOpen* 2 (4): 659–673. doi: 10.1002/mbo3.102.

Mommer, Anabel Viola. 2002. Krankheiten und Todesursachen von Psittaziden: Eine Literaturübersicht und retrospektive, veterinärmedizinische Studie anhand von Untersuchungsprotokollen der Jahre 1990 bis 1996 aus dem Institut für Geflügelkrankheiten der Justus-Liebig-Universität Gießen, Justus-Liebig-Universität, Gießen.

Müller, Gunther, und Herbert Weber. 2013. *Mikrobiologie der Lebensmittel, Grundlagen*. Bis 7. Aufl. u.d.T.: Müller, Gunther: Grundlagen der Lebensmittelmikrobiologie, 9th edn. Hamburg: Behr.

Nadeau, Éric, Serge Messier, und Sylvain Quessy. 2002. Prevalence and Comparison of Genetic Profiles of *Campylobacter* Strains Isolated from Poultry and Sporadic Cases of *Campylobacteriosis* in

- Humans. *Journal of Food Protection* 65 (1): 73–78. doi: 10.4315/0362-028X-65.1.73.
- Pantchev, Alexandra, Reinhard Sting, Rolf Bauerfeind, Judith Tyczka, und Konrad Sachse. 2009. New real-time PCR tests for species-specific detection of *Chlamydophila psittaci* and *Chlamydophila abortus* from tissue samples. *The Veterinary Journal* 181 (2): 145–150.
- Puysseleir, Kristien de, Leentje de Puysseleir, Julie Geldhof, Eric Cox, und Daisy Vanrompay. 2014. Development and Validation of a Real-Time PCR for *Chlamydia suis* Diagnosis in Swine and Humans. *PloS one* 9 (5): 1-7. doi: 10.1371/journal.pone.0096704.
- Rahmsdorf-Ebbers, Monika. 1976. Salmonellen beim Geflügel: Untersuchungen über ihre mögliche Bedeutung für die Salmonellose des Menschen. Inauguraldissertation, Christian-Albrechts-Universität, Kiel.
- Rehn, M., H. Ringberg, A. Runeheger, B. Herrmann, B. Olsen, A. C. Petersson, M. Hjertqvist, S. Kühlmann-Berenzon, und A. Wallensten. 2013. Unusual increase of psittacosis in southern Sweden linked to wild bird exposure, January to April 2013. *Euro surveillance : bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin* 18 (19): 20478.
- Robert Koch Institut (ed.). 2007. *Heimtierhaltung - Chancen und Risiken für die Gesundheit*. Gesundheitsberichterstattung des Bundes, vol. 19. Berlin.
- Robert Koch Institut. 2014. *Infektionsepidemiologisches Jahrbuch*

- meldepflichtiger Krankheiten für 2013. Datenstand: 1. März 2014.*  
Berlin: Inst.
- Robert Koch Institut. 2015a. *Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2014. Datenstand: 1. März 2015.*  
Berlin.
- Robert Koch Institut. 2015b. RKI - RKI-Ratgeber für Ärzte: Typhus - Paratyphus.  
[https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber\\_Typhus\\_Paratyphus.html;jsessionid=491119765F862362B47946420FDB1F9C.2\\_cid390#doc2374542bodyText3](https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Typhus_Paratyphus.html;jsessionid=491119765F862362B47946420FDB1F9C.2_cid390#doc2374542bodyText3). Accessed 29 May 2016.
- Robert Koch Institut. 2016a. *Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2015. Datenstand: 1. März 2016.*  
Berlin: Inst.
- Robert Koch Institut. 2016b. Salmonellose: RKI Ratgeber für Ärzte.  
[https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber\\_Salmonellose.html](https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Salmonellose.html).
- Robert Koch Institut. 2017. *Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. Datenstand: 1. März 2017,*  
vol. 38. Berlin.
- Rolle, Michael, und Anton Mayr (eds.). 2007. *Medizinische Mikrobiologie, Infektions- und Seuchenlehre. 127 Tabellen*, 8th edn. Stuttgart: Enke.
- Rolle, Michael, Peter Bachmann, Brigitte Gedek, Helmut Mahnel, Hans Schels, und Anton Mayr. 1984. *Medizinische Mikrobiologie,*

- Infektions- und Seuchenlehre. für Tierärzte, Biologen und Agrarwissenschaftler*, 5th edn. Stuttgart: Enke.
- Rønne, Tove. 2000. Psittacosis 1995-1998. *EPI-NEWS National Surveillance of communicable diseases*. 2000.
- Rutledge, M. Elizabeth, Robin M. Siletsky, Weimin Gu, Laurel A. Degernes, Christopher E. Moorman, Christopher S. DePerno, und Sophia Kathariou. 2013. Characterization of *Campylobacter* from resident Canada geese in an urban environment. *Journal of wildlife diseases* 49 (1): 1–9. doi: 10.7589/2011-10-287.
- Rutschke, Erich. 1987. *Die Wildgänse Europas. Biologie, Ökologie, Verhalten*. Wiesbaden: AULA-Verlag.
- Rutschke, Erich. 1990. *Die Wildenten Europas. Biologie, Ökologie, Verhalten*. Wiesbaden: AULA-Verl.
- Rutschke, Erich. 1997. *Wildgänse. Lebensweise - Schutz - Nutzung*, 1st edn. Berlin: Parey.
- Sachse, Konrad, und Karine Laroucau. 2014. Avian chlamydiosis: two more bacterial players discovered. *Veterinary journal (London, England : 1997)* 200 (3): 347–348. doi: 10.1016/j.tvjl.2014.03.017.
- Sachse, Konrad, Simone Kuehlewind, Anke Ruettger, Evelyn Schubert, und Gernot Rohde. 2012. More than classical *Chlamydia psittaci* in urban pigeons. *Veterinary microbiology* 157: 476–480. doi: 10.1016/j.vetmic.2012.01.002.
- Sachse, Konrad, Patrik M. Bavoil, Bernhard Kaltenboeck, Richard S. Stephens, Cho-Chou Kuo, Ramon Rosselló-Móra, und Matthias Horn. 2015. Emendation of the family Chlamydiaceae: Proposal of

- a single genus, Chlamydia, to include all currently recognized species. *Systematic and applied microbiology* 38 (2): 99–103. doi: 10.1016/j.syapm.2014.12.004.
- Schachter, J., R. S. Stephens, P. Timms, C. Kuo, P. M. Bavoil, S. Birkelund, J. Boman, H. Caldwell, L. A. Campbell, M. Chernesky, G. Christiansen, I. N. Clarke, C. Gaydos, J. T. Grayston, T. Hackstadt, R. Hsia, B. Kaltenboeck, M. Leinonen, D. Ojcius, D. Ojcius, G. McClarty, J. Orfila, R. Peeling, M. Puolakkainen, T. C. Quinn, R. G. Rank, J. Raulston, G. L. Ridgeway, P. Saikku, W. E. Stamm, D. T. Taylor-Robinson, S. P. Wang, und P. B. Wyrick. 2001. Radical changes to chlamydial taxonomy are not necessary just yet. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* 51 (Pt 1): 249; author reply 251-3. doi: 10.1099/00207713-51-1-249.
- Sheppard, Samuel K., Frances M. Colles, Noel D. McCarthy, Norval J. C. Strachan, Iain D. Ogden, Ken J. Forbes, John F. Dallas, und Martin C. J. Maiden. 2011. Niche segregation and genetic structure of *Campylobacter jejuni* populations from wild and agricultural host species. *Molecular ecology* 20 (16): 3484–3490. doi: 10.1111/j.1365-294X.2011.05179.x.
- Siegmann, Otfried. 2005. *Kompendium der Geflügelkrankheiten*, 6th edn. vet.kolleg. Hannover: Schlüter.
- Skirrow, M. B. 1991. Epidemiology of *Campylobacter* enteritis. *International journal of food microbiology* 12 (1): 9–16.
- Skirrow, M. B. 1994. Diseases due to *Campylobacter*, *Helicobacter* and

- related bacteria. *Journal of comparative pathology* 111 (2): 113–149.
- Steininger, F. 1967. Salmonellen bei einer Seevogel-Epizootie auf Scharhorn. *Archiv für Hygiene und Bakteriologie* 151: 3–4.
- Stephens, Richard S., Sue Kalman, Claudia Lammel, Jun Fan, Rekha Marathe, L. Aravind, Wayne Mitchell, Lynn Olinger, Roman L. Tatusov, Qixun Zhao, Eugene V. Koonin, und Ronald W. Davis. 1998. Genome Sequence of an Obligate Intracellular Pathogen of Humans: *Chlamydia trachomatis*. *Science* 282 (5389): 754–759. doi: 10.1126/science.282.5389.754.
- Szymanska-Czerwinska, Monika, Agata Mitura, Krzysztof Niemczuk, Kinga Zareba, Agnieszka Jodelko, Aneta Pluta, Sabine Scharf, Bailey Vitek, Rachid Aaziz, Fabien Vorimore, Karine Laroucau, und Christiane Schnee. 2017. Dissemination and genetic diversity of chlamydial agents in Polish wildfowl: Isolation and molecular characterisation of avian *Chlamydia abortus* strains. *PLoS one* 12 (3): e0174599. doi: 10.1371/journal.pone.0174599.
- Telfer, Barbara L., Sarah A. Moberley, Krishna P. Hort, James M. Branley, Dominic E. Dwyer, David J. Muscatello, Patricia K. Correll, John England, und Jeremy M. McAnulty. 2005. Probable psittacosis outbreak linked to wild birds. *Emerging infectious diseases* 11 (3): 391–397. doi: 10.3201/eid1103.040601.
- Thierfelder, Stephan, Anna Schmitz, Monika Rinder, Armin Deutz, und Rüdiger Korb. 2019. Untersuchungen zum Vorkommen humanpathogener Bakterien bei wildlebendem Wassergeflügel in

- Bayern. *Wiener Tierärztliche Monatsschrift* 106 (3-4): 75–86.
- Wagner, Christian. 2015. *Inselanbindung zur Reduzierung von Wildgansbruten*.
- Wahlström, H., E. Tysén, E. Olsson Engvall, B. Brändström, E. Eriksson, T. Mörner, und I. Vagsholm. 2003. Survey of *Campylobacter* species, VTEC O157 and *Salmonella* species in Swedish wildlife. *The Veterinary record* 153 (3): 74–80.
- Waldenström, Jonas, Tina Broman, Inger Carlsson, Dennis Hasselquist, René P. Achterberg, Jaap A. Wagenaar, und Björn Olsen. 2002. Prevalence of *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, and *Campylobacter coli* in different ecological guilds and taxa of migrating birds. *Applied and Environmental Microbiology* 68 (12): 5911–5917.
- Wilson, J. E., und J. W. Macdonald. 1967. *Salmonella* infection in wild birds. *British Veterinary Journal* 1967 (123): 212–219.
- Wilson, Daniel J., Edith Gabriel, Andrew J. H. Leatherbarrow, John Cheesbrough, Steven Gee, Eric Bolton, Andrew Fox, Paul Fearnhead, C. Anthony Hart, und Peter J. Diggle. 2008. Tracing the source of campylobacteriosis. *PLoS genetics* 4 (9): e1000203. doi: 10.1371/journal.pgen.1000203.
- Zweifel, Daniela, Richard Hoop, Konrad Sachse, Andreas Pospischil, und Nicole Borel. 2009. Prevalence of *Chlamydophila psittaci* in wild birds—potential risk for domestic poultry, pet birds, and public health? *European Journal of Wildlife Research* 55 (6): 575–581. doi: 10.1007/s10344-009-0275-2.

## Rechtsnormen

BMELV. *Bundesjagdgesetz. BJagdG.*

BMELV, BMWi, BMU, BMF, BMJV. 2007. *Verordnung über Anforderungen an die Hygiene beim Herstellen, Behandeln und Inverkehrbringen von Lebensmitteln. (Lebensmittelhygieneverordnung - LMHV).*

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft. 1983. *Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten. (TKrMeldpfIV 1983).*

Deutscher Bundestag. 2000. *Infektionsschutzgesetz. IfSG.*

Rat der Europäischen Union. 1992. *RICHTLINIE 92/45/EWG DES RATES vom 16. Juni 1992 zur Regelung der gesundheitlichen und tierseuchenrechtlichen Fragen beim Erlegen von Wild und bei der Vermarktung von Wildfleisch.*



## 8. DANKSAGUNG

An dieser Stelle möchte ich mich bei all denen bedanken, die zur Entstehung dieser Arbeit beigetragen haben.

Herrn Professor Korbelt danke ich dafür, dass ich über dieses interessante Thema an seinem Lehrstuhl forschen durfte.

Herrn Dr. Deutz danke ich für die stets freundliche Betreuung und die Überlassung des Dissertationsthemas.

Für seinen persönlichen Einsatz zur Realisierung des Projekts möchte ich Herrn Dr. Reddemann im Besonderen danken sowie dem Bayerischen Jagdverband und dem Bayerischen Staatsministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten für das Engagement und die Förderung des Projektes.

Den vielen Jägern danke ich für die tatkräftige Unterstützung sowie die Überlassung beziehungsweise selbstständige Entnahme des Probenmaterials.

Vielen Dank an Dr. Anna Schmitz und Priv. Doz. Dr. Monika Rinder für ihre professionelle Unterstützung und Problemlösungen.

Den Mitarbeitern der Bakteriologie, vor allem Bärbel Hohenleitner und Sabrina Rückschloss danke ich für die Unterstützung bei aufkommenden Problemen.

Herrn Univ. Doz. Dr. Klemens Fuchs danke ich für die Hilfestellung bei statistischen Fragestellungen.

Ich danke Matej Mezovsky für die Vermittlung von Kontakten und seinen fachlichen Rat.

Herrn Görgen vom Bayerischen Landesamt für Umwelt danke ich für die Ausarbeitung des Kartenmaterials.

Bei den Inhabern der WG Schellingstraße sowie des ehemaligen Georgenstüberls bedanke ich mich für die oft auch kurzfristig zur Verfügung gestellte, herzliche Unterkunft.

Meinen Eltern möchte ich danken, dass sie mir trotz Umwegen all das ermöglicht haben.